

- 1 -

## 明細書

## 植物の再分化能を付与する遺伝子、並びにその利用

5 技術分野

本発明は、植物の再分化能を付与する遺伝子の単離・同定、並びに該遺伝子を利用した再分化能の増加、形質転換細胞の選抜法に関する。本発明によれば、植物の培養特性の改良、および安全性に配慮した形質転換法の開発が可能となる。

10 背景技術

植物の分化した組織は、適当な条件下に置くと脱分化し細胞分裂を経てカルス（脱分化細胞群）を形成する。カルスはさらに条件により再分化を引き起こし完全な植物体を再生することができる。このような分化した細胞もしくは脱分化した細胞が個体を再生しうる能力は分化全能性と言い、1930～1950年代のタバコ

15 やトマトなどの培養研究により最初に実証された。組織培養技術は、この分化全能性をもとにした技術であり、細胞融合や胚珠培養による新品種の作出や育種年数の短縮、遺伝形質の固定など特に植物育種の分野で広く利用されてきた。近年では遺伝子機能解析を目的とした人為的な遺伝子導入（形質転換法）における基幹技術として、分子育種や植物の基礎研究にも欠かせない技術となっている。

20 一般に分化全能性は全ての植物が保持する能力とされているが、実際は植物種や品種、器官によってその能力を発揮しやすいものと、しにくいものがあることが知られている。双子葉植物に比べて主要作物のイネ、ムギ、トウモロコシなどの単子葉植物は組織培養、再分化が困難であるため形質転換法を始めとした培養を用いる解析には多くの試行錯誤が必要である。イネでは特定の品種の完熟種子  
25 を用いることにより比較的容易な培養系が確立されているものの、十分な再分化能を持つ品種は限られている。特に良食味品種のコシヒカリ、ササニシキ、熱帯

- 2 -

地方で多く栽培されている IR 系統の品種は再分化能が低く、組織培養による植物体の再生が困難である。これら品種の再分化能が向上できれば、品種改良や遺伝子の特性研究に役立つだけでなく、再分化過程のメカニズムの解明にもつながり、さらには他の培養困難植物種や品種の再分化能の改善も期待される。

- 5     また近年、多くの遺伝子組換え農作物 (GMO) が開発され年々作付け面積が増加している一方で、その安全性に不安を持つ消費者が多い。GMO の安全性議論において最も問題視されているのは GMO に抗生物質耐性遺伝子が組み込まれているという点である。従って抗生物質耐性遺伝子を用いない形質転換法の開発はこれまでの GMO に対する消費者の不安感を和らげると同時に、高価な抗生物質が不要で
- 10    かつ簡易な形質転換法として研究開発者にもメリットがあると期待される。

#### 発明の開示

-再分化能は複数の遺伝子の相互作用による量的形質 (QTL) として支配されており、未だその遺伝子座に存在する再分化能遺伝子の単離に成功した報告はない。

- 15    本発明の目的は、植物の再分化能に関与する遺伝子の単離・同定、並びに該遺伝子を利用した植物の改良方法、さらには該遺伝子を選抜マーカーとして利用する形質転換法を提供することにある。

- 本発明者らは再分化能 QTL の検出に用いる雑種集団の育成に先駆け、雑種集団の親となる品種の選定を試み、再分化能に明瞭な差が見られた日本型イネの「コシヒカリ」とインド型イネ「カサラス」2つの品種を選抜した (図 1 写真)。これら二つの品種を交雑した F1 個体に、コシヒカリを反復親とした戻し交雑と自殖を行い、99 系統の BC1F1 集団を作成後、BC1F2 種子を採種した。各系統の BC1F2 種子 20 粒ずつ用いてカルスを誘導培地で 30 日間培養した後、増殖したカルスを再分化培地に移植しさらに 30 日間培養した。30 日後、1 粒あたりのカルス重とシュート数を計測し、各系統について 20 粒の平均値をとりそれを再分化
- 20
- 25    能とした (図 1 グラフ)。各系統の遺伝子型は 262 個の PCR マーカールを用いて決定

## - 3 -

した。これらのデータをもとに再分化能に関する QTL 解析を行った結果、再分化能を増加させる効果を持つ 4 箇所の QTL を検出した(図 2)。この内、第 1 番染色体短腕 TGS2451 マーカー近傍にカサラスのゲノムがコシヒカリに対して再分化能を増加させる効果の大きい QTL (*PSR1*; *Promoter of Shoot Regeneration 1*) を見いだすことに成功した(図 2)。次に *PSR1* 遺伝子の大きな座乗領域を特定するために BC2F1 集団の中から *PSR1* 領域がカサラスに置換された 30 個体を選抜し、それらの種子 (BC2F2 種子) 各 10 粒ずつを用いてカルスを誘導した。増殖カルスから DNA を抽出し分子マーカーにより遺伝子型を明らかにするとともに再分化能を調査し、連鎖解析を行った。さらに、詳細な座乗領域の特定のために *PSR1* が分離する BC3F2 種子約 3,800 粒を用いて分子マーカーによる遺伝子型を調査し、高精度連鎖解析を行った。その結果、*PSR1* は分子マーカー 3132 と P182 に挟まれる約 50.8kb 領域内に座乗することが明らかになった(図 3)。この領域に存在する遺伝子を予想した結果、Hypothetical Protein も含め 4 つの遺伝子の存在が示唆された。この内、どの遺伝子が再分化能遺伝子であるか同定するために、カサラス BAC ライブラリー (平均長 120kb) を作成し、*PSR1* 領域を含む BAC クローン (BHAL15) を PCR スクリーニングにより単離した。BHAL15 クローン内の適当な制限酵素部位を用いて各候補遺伝子領域を含むカサラスゲノム断片を調整しコシヒカリに導入したところ、フェレドキシン亜硝酸還元酵素をコードすると予想された遺伝子 (*NiR*) を含むカサラスゲノム断片 (図 3 の 3F) を導入した場合にのみコシヒカリの再分化能が増加することがわかった (図 4)。フェレドキシン亜硝酸還元酵素はフェレドキシンを電子供与体として機能する亜硝酸還元酵素であり、亜硝酸イオンをアンモニアに変換する作用を持つ。このフェレドキシン亜硝酸還元酵素と予想された遺伝子領域およびその上流約 2kb についてカサラスとコシヒカリの塩基配列を決定し比較したところ、多数の塩基配列の変異が見出された (図 5)。また semi-quantitative RT-PCR およびリアルタイム定量 PCR によりカルス中の本遺伝子 mRNA の発現量を調べたところ、カサラスではコシヒカリ

- 4 -

の約 2.5 倍量の mRNA が存在することが分かった (図 6 左写真上段、中段、および右のグラフ)。また、NiR タンパク質に特異的な抗体を用いたウェスタンブロット解析においても、コシヒカリよりカサラスで NiR タンパク質が多く蓄積されていることが分かった (図 6 左写真下段)。さらに大腸菌で発現誘導した NiR 組換

- 5 えタンパクを用いてナフチルエチレンジアミン法によりタンパク質量当たりの NiR 酵素活性を比較した結果、カサラスの NiR はコシヒカリの約 1.6 倍高い酵素活性を示すことが分かった (図 7)。以上の結果から、コシヒカリとカサラスの再分化能の違いは、第一に *NiR* 遺伝子の転写調節レベルの違いによるものであり、第二に合成されたタンパク質 1 分子当たりの活性の違いが要因であることが明らかになった。

- カサラス *PSRI* 遺伝子のゲノム領域をコシヒカリに導入すると、再分化しないコシヒカリに再分化能を付与することができる。このことは、コシヒカリの形質転換を行う際に、カサラス *PSRI* 遺伝子を選抜マーカーとして利用することが可能であることを示唆している。すなわち、カサラス *PSRI* 遺伝子と目的遺伝子を
- 15 並列に組み込んだベクターをコシヒカリに導入すると、*PSRI* 遺伝子が導入された細胞のみが再分化能を獲得するため、再分化した植物体には同時に目的遺伝子も導入されていると予想される。そこでこの考えを実証するために、バイナリーベクター pBI101 の T-DNA 領域内にカサラス *NiR* genome + 35S promoter *GUS*、カサラス *NiR* promoter :: *NiR* cDNA :: *NiR* terminator + 35S promoter *GUS*、イ
- 20 ネ *Actin1* promoter :: *NiR* cDNA :: *NiR* terminator + 35S promoter *GUS* を含むベクター、および *NiR* 遺伝子を含まないベクターを構築し、コシヒカリに導入した。その結果、*NiR* 遺伝子を含む 3 種類のベクターの導入ではいずれの場合でも多数の再分化個体を得られ、かつそれらが由来するカルスでは *GUS* 遺伝子による染色が認められた (図 8)。さらに、毒性を示す亜硝酸を代謝する性質を有する
- 25 *NiR* 遺伝子の特徴を利用すると、高再分化能品種への形質転換においても *NiR* 遺伝子をマーカーとして用いることができた。具体的にはイネの高発現プロモータ



- 5 -

一の1つであるアクチンプロモーター制御下で *NiR* 遺伝子を過剰発現させるベクターを高再分化品種カサラスに導入し、通常の野生型では増殖抑制される濃度の亜硝酸を添加した培地上において培養した。過剰に発現させた *NiR* 遺伝子の効果により形質転換細胞のみが増殖し、増殖した細胞にのみ GUS 染色が認められた

5 (図9)。この選抜方法を用いることにより、従来の遺伝子組換え農作物の問題点とされている微生物由来の抗生物質耐性遺伝子（形質転換細胞の選抜マーカー）を用いることなくより安全性に考慮した組換え植物の作成が可能になった。また高価な抗生物質が不要であるため形質転換体の開発コストを削減することができた。

10 即ち、本発明は、植物の再分化能を増加させる遺伝子の単離および同定、ならびに該遺伝子を利用した植物の培養特性の改良、さらには該遺伝子を選抜マーカーとして利用する形質転換法に関し、以下の[1]～[22]を提供するものである。

[1] 植物の再分化能に関与する、下記(a)から(d)のいずれかに記載の DNA。

15 (a) 配列番号：3に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。

(b) 配列番号：1もしくは2に記載の塩基配列のコード領域を含む DNA。

(c) 配列番号：3に記載のアミノ酸配列において1または複数のアミノ酸が置換、欠失、付加、および／または挿入されたアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。

20 (d) 配列番号：1もしくは2に記載の塩基配列からなる DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズする DNA。

[2] 配列番号：3に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質の部分ペプチドをコードする DNA。

25 [3] 配列番号：1もしくは2に記載の塩基配列のプロモーター領域を含む DNA。

[4] [1]または[2]に記載の DNA を含むベクター。

- 6 -

- [5] [3]に記載の DNA を含むベクター。
- [6] [4]に記載のベクターが導入された宿主細胞。
- [7] [4]に記載のベクターが導入された植物細胞。
- [8] [7]に記載の植物細胞を含む形質転換植物体。
- 5 [9] [8]に記載の形質転換植物体の子孫またはクローンである、形質転換植物体。
- [10] [8]または[9]に記載の形質転換植物体の繁殖材料。
- [11] [1]または[2]に記載の DNA を植物細胞に導入し、該植物細胞から植物体を再生させる工程を含む、形質転換植物体の製造方法。
- 10 [12] [1]または[2]に記載の DNA によりコードされるタンパク質。
- [13] [6]に記載の宿主細胞を培養し、該細胞またはその培養上清から組換えタンパク質を回収する工程を含む、[12]に記載のタンパク質の製造方法。
- [14] [12]に記載のタンパク質に結合する抗体。
- [15] 配列番号：1もしくは2に記載の塩基配列またはその相補配列に相補的な少なくとも15の連続する塩基を含むポリヌクレオチド。
- 15 [16] [1]または[2]に記載の DNA を植物体の細胞内で発現させる工程を含む、植物の再分化能を増加させる方法。
- [17] [1]もしくは[2]に記載の DNA、または[4]に記載のベクターを有効成分とする、植物の再分化能を改変する薬剤。
- 20 [18] 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における[1]に記載の DNA または[12]に記載のタンパク質の発現を検出する工程を含む方法。
- [19] 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における[12]に記載のタンパク質の活性を検出する工程を含む方法。
- 25 [20] 植物における内因性の[12]に記載のタンパク質の活性を制御することを特徴とする、植物の再分化能を改良する方法。

- 7 -

[21] 形質転換植物細胞の選抜方法であって、

(a) [1]または[2]に記載の DNA を選抜マーカーとして該 DNA を含むベクターを植物細胞に導入する工程、および

(b) 該植物細胞を培養し、再分化能を獲得した植物細胞を選抜する工程、

5

を含む方法。

[22] 植物における内因性の[1]または[2]に記載の DNA を交配により置換することを特徴とする、植物の再分化能を改変する方法。

- 10 本発明は、イネ由来の *NiR* タンパク質をコードする DNA を提供する。「カサラス」のゲノム DNA の塩基配列を配列番号：1に、「カサラス」の cDNA の塩基配列を配列番号：2に、該 DNA がコードするタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：3に示す。また、「コシヒカリ」のゲノム DNA の塩基配列を配列番号：4に、「コシヒカリ」の cDNA の塩基配列を配列番号：5に、該 DNA がコードするタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：6に示す。
- 15

本発明によって、植物の *PSR1* 遺伝子の発現制御あるいは活性制御により植物の再分化能が向上できることが明らかになった。これによりコシヒカリのような培養困難品種の培養を可能にし、かつ安定的に高い再分化能を有する高再分化能品種の作出が可能となった。

- 20 本発明における「再分化能の向上」とは培養条件における植物の再分化能を高めるだけで、再分化個体の形態には変化をもたらさないことを意味する。この再分化能の向上により所望の品種を様々な培養実験に供することが可能となり、その結果、効率的に新品种の開発や遺伝子の機能解析を行うことができる。

- 本発明において、「植物の *PSR1* 遺伝子」とは、植物のフェレドキシン亜硝酸還元酵素をコードする *NiR* 遺伝子を意味する。「植物の *PSR1* 遺伝子」には、イネの *PSR1* 遺伝子（図5）、および他の植物由来の *PSR1* 遺伝子が含まれる。また *PSR1*
- 25

- 8 -

タンパク質をコードする DNA には、ゲノム DNA、cDNA、および化学合成 DNA が含まれる。ゲノム DNA および cDNA の調製は、当業者にとって常套手段を利用して行うことが可能である。ゲノム DNA は、例えば、該 *PSR1* 遺伝子を有するイネ品種（例えば、「コシヒカリ」）からゲノム DNA を抽出し、ゲノミックライブラリー

- 5 （ベクターとしては、プラスミド、ファージ、コスミド、BAC、PACなどが利用できる）を作成し、これを展開して、本発明タンパク質をコードする DNA（例えば、配列番号：1もしくは2）を基に調製したプローブを用いてコロニーハイブリダイゼーションあるいはブランクハイブリダイゼーションを行うことにより調製することが可能である。また、本発明タンパク質をコードする DNA（例
- 10 えば、配列番号：1もしくは2）に特異的なプライマーを作成し、これを利用したPCRをおこなうことにより調製することも可能である。また、cDNA は、例えば、*PSR1* 遺伝子を有するイネ品種（例えば、「コシヒカリ」）から抽出した mRNA を基に cDNA を合成し、これを  $\lambda$  ZAP 等のベクターに挿入して cDNA ライブラリーを作成し、これを展開して、上記と同様にコロニーハイブリダイゼーション
- 15 あるいはブランクハイブリダイゼーションを行うことにより、また、PCRを行うことにより調製することが可能である。

- 本発明は、配列番号：3に記載の *PSR1* タンパク質（「カサラス」）と機能的に同等なタンパク質をコードする DNA を包含する。ここで「*PSR1* タンパク質と同等の機能を有する」とは、対象となるタンパク質の発現量または活性を改変させることにより、再分化能を増加させる機能を有することを指す。
- 20

このような DNA には、例えば、配列番号：3に記載のアミノ酸配列において1若しくは複数のアミノ酸が置換、欠失、付加および/または挿入されたアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする変異体、誘導体、アレル、パリアントおよびホモログが含まれる。

- 25 アミノ酸配列が改変されたタンパク質をコードする DNA を調製するための当業者によく知られた方法としては、例えば、site-directed mutagenesis 法

- 9 -

(Kramer, W. & Fritz, H.-J. (1987) Oligonucleotide-directed construction of mutagenesis via gapped duplex DNA. *Methods in Enzymology*, 154: 350-367) が挙げられる。また、塩基配列の変異によりコードするタンパク質のアミノ酸配列が変異することは、自然界においても生じ得る。このように天然型の

5 PSR1 タンパク質をコードするアミノ酸配列において 1 もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失もしくは付加したアミノ酸配列を有するタンパク質をコードする DNA であっても、天然型の PSR1 タンパク質 (配列番号: 3) と同等の機能を有するタンパク質をコードする限り、本発明の DNA に含まれる。また、たとえ、塩基配列が変異した場合でも、それがタンパク質中のアミノ酸の変異を伴わない場合

10 合 (縮重変異) もあり、このような縮重変異体も本発明の DNA に含まれる。

配列番号: 3 に記載の PSR1 タンパク質と機能的に同等なタンパク質をコードする DNA を調製するために、当業者によく知られた他の方法としては、ハイブリダイゼーション技術 (Southern, E. M. (1975) *Journal of Molecular Biology*, 98, 503) やポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 技術 (Saiki, R. K. et al. (1985) *Science*, 230, 1350-1354、Saiki, R. K. et al. (1988) *Science*, 239, 487-491) を利用する方法が挙げられる。即ち、当業者にとっては、PSR1 遺伝子の塩基配列 (配列番号: 2) もしくはその一部をプローブとして、また PSR1 遺伝子 (配列番号: 2) に特異的にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドをプライマーとして、イネや他の植物から PSR1 遺伝子と高い相同性を有する DNA を単離することは通常行いうることである。このようにハイブリダイズ技術や PCR 技術により単離しうる PSR1 タンパク質と同等の機能を有するタンパク質をコードする

20 DNA もまた本発明の DNA に含まれる。

このような DNA を単離するためには、好ましくはストリンジントな条件下でハイブリダイゼーション反応を行う。本発明においてストリンジントなハイブリダイゼーション条件とは、6M 尿素、0.4% SDS、0.5xSSC の条件またはこれと同等のストリンジエンシーのハイブリダイゼーション条件を指す。よりストリンジ

25

- 10 -

エンシーの高い条件、例えば、6M 尿素、0.4%SDS、0.1xSSC の条件を用いることにより、より相同性の高い DNA の単離を期待することができる。これにより単離された DNA は、アミノ酸レベルにおいて、PSR1 タンパク質のアミノ酸配列（配列番号：3 または 6）と高い相同性を有すると考えられる。高い相同性とは、アミノ酸配列全体で、少なくとも 50% 以上、さらに好ましくは 70% 以上、さらに好ましくは 90% 以上（例えば、95%, 96%, 97%, 98%, 99% 以上）の配列の同一性を指す。アミノ酸配列や塩基配列の同一性は、カーリンおよびアルチュールによるアルゴリズム BLAST (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:2264-2268, 1990、Proc Natl Acad Sci USA 90: 5873, 1993) を用いて決定できる。BLAST のアルゴリズムに基づいた BLASTN や BLASTX と呼ばれるプログラムが開発されている (Altschul SF, et al: J Mol Biol 215: 403, 1990)。BLASTN を用いて塩基配列を解析する場合は、パラメーターは、例えば score=100、wordlength=12 とする。また、BLASTX を用いてアミノ酸配列を解析する場合は、パラメーターは、例えば score=50、wordlength=3 とする。BLAST と Gapped BLAST プログラムを用いる場合は、各プログラムのデフォルトパラメーターを用いる。これらの解析方法の具体的な手法は公知である。

ある DNA が再分化能に関与するタンパク質をコードするか否かは以下のようにして評価することができる。最も一般的な方法としては、該 DNA の機能を欠失させた上で栽培を行い、再分化能を調べる手法である。すなわち該 DNA の機能を保った条件と該 DNA の機能を欠失させた条件で培養し、再分化能を比較する方法である。再分化能が変わらないかほとんど同じ場合は、該 DNA は再分化能に関与しないと判断する。該 DNA が再分化能に関与する場合は、再分化率はより増加し、その差を再分化能の程度とみなすことができる。

本発明の DNA は、例えば、組み換えタンパク質の調製や再分化能が改変された形質転換植物体の作出などに利用することが可能である。組み換えタンパク質を調製する場合には、通常、本発明のタンパク質をコードする DNA を適当な発現ベ

- 11 -

クターに挿入し、該ベクターを適当な細胞に導入し、形質転換細胞を培養して発現させたタンパク質を精製する。組み換えタンパク質は、精製を容易にするなどの目的で、他のタンパク質との融合タンパク質として発現させることも可能である。例えば、大腸菌を宿主としてマルトース結合タンパク質との融合タンパク質として調製する方法（米国 New England BioLabs 社発売のベクター pMAL シリーズ）、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ (GST) との融合タンパク質として調製する方法（Amersham Pharmacia Biotech 社発売のベクター pGEX シリーズ）、ヒスチジンタグを付加して調製する方法（Novagen 社の pET シリーズ）などを利用することが可能である。宿主細胞としては、組み換えタンパク質の発現に適した細胞であれば特に制限はなく、上記の大腸菌の他、例えば、酵母、種々の動植物細胞、昆虫細胞などを用いることが可能である。宿主細胞へのベクターの導入には、当業者に公知の種々の方法を用いることが可能である。例えば、大腸菌への導入には、カルシウムイオンを利用した導入方法（Mandel, M. & Higa, A. (1970) Journal of Molecular Biology, 53, 158-162、Hanahan, D. (1983) Journal of Molecular Biology, 166, 557-580）を用いることができる。宿主細胞内で発現させた組み換えタンパク質は、該宿主細胞またはその培養上清から、当業者に公知の方法により精製し、回収することが可能である。組み換えタンパク質を上記のマルトース結合タンパク質などとの融合タンパク質として発現させた場合には、容易にアフィニティー精製を行うことが可能である。また、後述する手法で、本発明の DNA が導入された形質転換植物体を作成し、該植物体から本発明のタンパク質を調製することも可能である。従って、本発明の形質転換植物体には、後述する、再分化能を改変するために本発明の DNA が導入された植物体のみならず、本発明のタンパク質の調製のために本発明の DNA が導入された植物体も含まれる。

得られた組換えタンパク質を用いれば、これに結合する抗体を調製することができる。例えば、ポリクローナル抗体は、精製した本発明のタンパク質若しくはその一部のペプチドをウサギなどの免疫動物に免疫し、一定期間の後に血液を採

- 12 -

取し、血ペイを除去することにより調製することが可能である。また、モノクローナル抗体は、上記タンパク質若しくはペプチドで免疫した動物の抗体産生細胞と骨腫瘍細胞とを融合させ、目的とする抗体を産生する単クローンの細胞（ハイブリドーマ）を単離し、該細胞から抗体を得ることにより調製することができる。これにより得られた抗体は、本発明のタンパク質の精製や検出などに利用することが可能である。本発明には、本発明のタンパク質に結合する抗体が含まれる。これらの抗体を用いることにより、植物体における再分化能に関与するタンパク質の発現部位の判別、もしくは植物種が再分化能に関与するタンパク質を発現するか否かの判別を行うことが出来る。

- 10 本発明の DNA を利用して再分化能が増加した形質転換植物体を作製する場合には、本発明のタンパク質をコードする DNA を適当なベクターに挿入して、これを植物細胞に導入し、これにより得られた形質転換植物細胞を再生させる。ベクターを導入する植物細胞としては、本発明の DNA の発現が低い植物細胞であることが好ましい。ここでいう「植物細胞」には、種々の形態の植物細胞、例えば、懸濁培養細胞、プロトプラスト、葉の切片、カルスなどが含まれる。

植物細胞の形質転換に用いられるベクターとしては、該細胞内で挿入遺伝子を発現させることが可能なものであれば特に制限はない。例えば、プラスミド

「pBI121」、「pBI221」、「pBI101」（いずれも Clontech 社製）などが挙げられる。

- 20 本発明のベクターは、本発明のタンパク質を恒常的または誘導的に発現させるためのプロモーターを含有しうる。恒常的に発現させるためのプロモーターとしては、例えば、カリフラワーモザイクウイルスの 35S プロモーター (Odell et al. 1985 Nature 313:810)、イネのアクチンプロモーター (Zhang et al. 1991 Plant Cell 3:1155)、トウモロコシのユビキチンプロモーター (Cornejo et al. 1993 Plant Mol. Biol. 23:567) などが挙げられる。

- 25 また、誘導的に発現させるためのプロモーターとしては、例えば糸状菌・細菌・ウイルスの感染や侵入、低温、高温、乾燥、紫外線の照射、特定の化合物の



- 13 -

散布などの外因によって発現することが知られているプロモーターなどが挙げられる。このようなプロモーターとしては、例えば、糸状菌・細菌・ウイルスの感染や侵入によって発現するイネキチナーゼ遺伝子のプロモーター (Xu et al. 1996 Plant Mol. Biol. 30 : 387) やタバコの PR タンパク質遺伝子のプロモーター (Ohshima et al. 1990 Plant Cell 2:95)、低温によって誘導されるイネの「lip19」遺伝子のプロモーター (Aguan et al. 1993 Mol. GenGenet. 240:1)、高温によって誘導されるイネの「hsp80」遺伝子と「hsp72」遺伝子のプロモーター (Van Breusegem et al. 1994 Planta 193:57)、乾燥によって誘導されるシロイヌナズナの「rab16」遺伝子のプロモーター (Nundy et al. 1990 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:1406)、紫外線の照射によって誘導されるパセリのカルコン合成酵素遺伝子のプロモーター (Schulze-Lefert et al. 1989 EMBO J. 8:651)、嫌氣的条件で誘導されるトウモロコシのアルコールデヒドロゲナーゼ遺伝子のプロモーター (Walker et al. 1987 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84:6624) などが挙げられる。また、イネキチナーゼ遺伝子のプロモーターとタバコの PR タンパク質遺伝子のプロモーターはサリチル酸などの特定の化合物によって、

5 「rab16」は植物ホルモンのアブシジン酸の散布によっても誘導される。

さらに、ベクターは、本発明のタンパク質をコードする DNA のプロモーターを有していてもよい。本発明のタンパク質をコードする DNA のプロモーター領域は、例えば、配列番号：1 または 2 に記載の塩基配列からなる DNA またはその一部を

20 プローブとしたゲノム DNA ライブラリーのスクリーニングにより取得することが可能である。

また、本発明は、本発明のベクターが導入された形質転換細胞を提供する。本発明のベクターが導入される細胞には、組み換えタンパク質の生産に用いる上記した細胞の他に、形質転換植物体作製のための植物細胞が含まれる。植物細胞と

25 しては特に制限はなく、例えば、シロイヌナズナ、イネ、トウモロコシ、ジャガイモ、タバコなどの細胞が挙げられる。本発明の植物細胞には、培養細胞の他、

- 14 -

- 植物体中の細胞も含まれる。また、プロトプラスト、苗条原基、多芽体、毛状根も含まれる。植物細胞へのベクターの導入は、ポリエチレングリコール法、電気穿孔法（エレクトロポーレーション）、アグロバクテリウムを介する方法、パーティクルガン法など当業者に公知の種々の方法を用いることができる。形質転換
- 5 植物細胞からの植物体の再生は、植物細胞の種類に応じて当業者に公知の方法で行うことが可能である（Toki et al. (1995) Plant Physiol. 100:1503-1507 参照）。例えば、イネにおいては、形質転換植物体を作成する手法については、ポリエチレングリコールによりプロトプラストへ遺伝子導入し、植物体（インド型イネ品種が適している）を再生させる方法（Datta, S. K. (1995) In Gene
- 10 Transfer To Plants (Potrykus I and Spangenberg Eds.) pp66-74)、電気パルスによりプロトプラストへ遺伝子導入し、植物体（日本型イネ品種が適している）を再生させる方法（Toki et al. (1992) Plant Physiol. 100, 1503-1507)、パーティクルガン法により細胞へ遺伝子を直接導入し、植物体を再生させる方法（Christou et al. (1991) Bio/technology, 9: 957-962.）およびアグロバクテ
- 15 リウムを介して遺伝子を導入し、植物体を再生させる方法（Hiei et al. (1994) Plant J. 6: 271-282.）など、いくつかの技術が既に確立し、本願発明の技術分野において広く用いられている。本発明においては、これらの方法を好適に用いることができる。

- 一旦、ゲノム内に本発明の DNA あるいは本発明の DNA が導入された形質転換植
- 20 物体が得られれば、該植物体から有性生殖または無性生殖により子孫を得ることが可能である。また、該植物体やその子孫あるいはクローンから繁殖材料（例えば、種子、果実、切穂、塊茎、塊根、株、カルス、プロトプラスト等）を得て、それらを基に該植物体を量産することも可能である。本発明には、本発明の DNA が導入された植物細胞、該細胞を含む植物体、該植物体の子孫およびクローン、
- 25 並びに該植物体、その子孫、およびクローンの繁殖材料が含まれる。

このようにして作出された再分化能が改変された植物体は、野生型植物体と比

- 15 -

較して、その再分化能が変化している。例えば、イネアクチンプロモーターの制御下において PSR1 タンパク質をコードする DNA を導入した植物体では、その再分化能の増加が期待される。本発明の手法を用いれば、有用農作物であるイネにおいては、その再分化能を増加することができ、高再分化能イネ品種の育成の上

5 で非常に有益である。

また、本発明は、配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列またはその相補配列に相補的な少なくとも 15 の連続する塩基を含むポリヌクレオチドを提供する。ここで「相補配列」とは、A:T、G:C の塩基対からなる 2 本鎖 DNA の一方の鎖の配列に対する他方の鎖の配列を指す。また、「相補的」とは、少なくとも 15 個の連続したヌクレオチド領域で完全に相補配列である場合に限られず、少なくとも 70%、好ましくは少なくとも 80%、より好ましくは 90%、さらに好ましくは 95%以上（例えば、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上）の塩基配列の同一性を有すればよい。このような DNA は、本発明の DNA の検出や単離を行なうためのプローブとして、また、増幅を行なうためのプライマーとして有用である。

15 さらに、本発明は、植物の再分化能の有無を判定する遺伝子診断方法を提供する。本発明において「植物の再分化能の有無を判定」とは、これまでに栽培されていた品種における再分化能の有無の判定に有効のみならず、交配や遺伝子組換え技術による新しい品種における再分化能の有無の判定も含まれる。この方法は特に日本型イネ品種の再分化能の有無の判定に有効である。

20 本発明の植物の再分化能の有無を評価する方法は、植物の PSR1 タンパク質をコードする DNA および PSR1 タンパク質の発現量を検出することを特徴とする。例えば、PSR1 をコードする DNA または PSR1 タンパク質の発現がコシヒカリの当該遺伝子およびタンパク質より高ければ、この被検植物は再分化能を持つ品種であると診断される。

25 本発明は植物の形質転換における選抜マーカーとしての PSR1 遺伝子の利用法についても提供する。これまでに用いられている、形質転換した植物細胞の選抜

- 16 -

- マーカー遺伝子としては、例えば抗生物質ハイグロマイシンに耐性であるハイグロマイシンホストランスフェラーゼ遺伝子、カナマイシンまたはゲンタマイシンに耐性であるネオマイシンホストランスフェラーゼ、除草剤ホスフィノスリンに耐性であるアセチルトランスフェラーゼ遺伝子、およびピアラフォスに耐性であるピアラフォス耐性遺伝子等が挙げられる。これらの遺伝子を用いる場合は、選抜マーカー遺伝子の種類に従って適当な選抜用薬剤を含む公知の選抜用培地上で培養することにより形質転換された植物培養細胞を得る。これら薬剤耐性遺伝子に対して *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用する場合、形質転換する植物細胞がコシヒカリのような再分化能がないものであれば、選抜のための特別な薬剤等を用いることなく再分化能の獲得をマーカー形質として形質転換体を選抜できる。つまり非形質転換体は再分化できないため *PSR1* 遺伝子の効果により再分化した個体が形質転換体とみなされる。また、再分化能を持つ植物細胞に *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用する場合は、選抜用培地に非形質転換体の生育が阻害される濃度の亜硝酸を加えることにより形質転換細胞を選抜することができる。従来の形質転換体の選抜に用いる上記の薬剤耐性遺伝子は微生物由来の遺伝子であるため、それら遺伝子が残存する組換え農作物 (GMO) は生態系への影響や人体への不安が問題視されている。しかしながら本発明の *PSR1* 遺伝子による形質転換体の選抜方法によれば、それらの不安が軽減されるとともに安価な遺伝子組換え作物の開発が可能になるという利点を有する。
- なお本明細書において引用された全ての先行技術文献は、参照として本明細書に組み入れられる。

#### 図面の簡単な説明

- 図 1 は、コシヒカリおよびカサラスの表現型を示すグラフおよび写真である。写真は、左側がコシヒカリ、右側がカサラスを示す。グラフは、コシヒカリ、カサラスの再分化能を 1 g カルスあたりの再分化個体数で表した。

- 17 -

図 2 は、再分化能 QTL の染色体における位置を示す図である。

図 3 は、再分化能 QTL の高精度連鎖 MAP を示す図である。

図 4 は、相補性検定の結果を示す写真である。左側がベクターのみをコシヒカリに導入したもの、右側がカサラスの 3F 断片をコシヒカリに導入した場合の再  
5 分化の様子を示す。

図 5 は、コシヒカリ *NiR* ゲノム配列に対するカサラス *NiR* ゲノムの変異部位を示す図である。模式図中のアラビア数字は挿入または欠失の塩基数を示す。黒四角はコード領域を示す。垂直線は置換部位を示す。枠内の配列は、コシヒカリ  
(上側) とカサラス (下側) における *NiR* 遺伝子配列を比較した図である。四角  
10 で囲った部位はコシヒカリとカサラスで異なっていたアミノ酸を示す。斜体太字で示した領域は葉緑体移行ペプチドドメインを、点線下線で示した領域はフェレドキシン結合領域を、下線で示した部位は 4Fe-4S クラスターを示す。

図 6 は、コシヒカリとカサラスのカルスにおける *NiR* 遺伝子および *NiR* タンパク質の発現量を比較した写真および図である。左写真上段は *NiR* 遺伝子を semi-  
15 quantitative RT-PCR で検出したもの、左写真中段は発現コントロールとしてイネユビキチン 1 遺伝子 (*Rubq1*) を semi-quantitative RT-PCR で検出したもの、左写真下段は *NiR* タンパク質の抗体を用いてウェスタンブロットハイブリダイゼーションにより *NiR* タンパク質を検出したもの、右のグラフは *Rubq1* 遺伝子の発現量を内部標準としてリアルタイム定量 RT-PCR で *NiR* 遺伝子の発現量を測定し  
20 た結果を示す。RT-PCR のプライマー部位は図 5 に示す。

図 7 は、コシヒカリおよびカサラスの *NiR* 組換えタンパク質の酵素活性を比較したグラフである。

図 8 は、*NiR* 遺伝子の選抜マーカーとしての有効性を確認する実験結果を示す図および写真である。模式図は形質転換に用いたバイナリーベクターの T-DNA 領域の図である。写真はそれぞれのベクターをコシヒカリに導入した場合の再分化  
25 の様子を示す。表は再分化個体における GUS 染色個体の割合を示す。

- 18 -

図 9 は、アクチンプロモーターにより *NiR* 遺伝子を過剰発現させるベクターを  
カサラスへ導入した場合のカルスの選抜結果を示す写真である。上段写真はカル  
スの選抜結果を示す。培地中には亜硝酸が添加されており形質転換体の a は *NiR*  
遺伝子の過剰発現の効果により増殖しているのに対して b の非形質転換体ではカ  
5 ルスの増殖が抑制されている。下段の写真は a, b カルスの GUS 染色結果を示す。

#### 発明を実施するための最良の形態

以下、本発明を実施例によりさらに具体的に説明するが本発明はこれら実施例  
に制限されるものではない。

#### 10 【実施例 1】 試験材料の選定および準同質遺伝子系統の作製

QTL 解析を行う雑種集団の育成に先駆け、雑種集団の親となる品種の選定を試  
みた。まず、日本型イネ-数品種、インド型イネ-数品種の平均再分化能を調査し、  
両品種間で再分化能に明瞭な差が見られた日本型イネの「コシヒカリ」とインド  
型イネ「カサラス」2つの品種を選抜した（図 1 写真）。日本型品種「コシヒカ  
15 リ」にインド型品種「カサラス」を交雑した F1 個体に、コシヒカリを反復親と  
した戻し交雑と自殖を行い、BC1F1 集団を作成後、BC1F2 種子を採種した。各系  
統の BC1F2 種子 20 粒ずつ用いてカルスを誘導培地で 30 日間培養した後、増殖し  
たカルスを再分化培地に移植し、移植後 30 日経た時点で 1 粒あたりのカルス重  
とシュート数を計測し、各系統について 20 粒の平均値をとりそれを再分化能と  
20 した（図 1 グラフ）。各系統の遺伝子型は 262 個の PCR マーカーを用いて決定し  
た。

これらのデータをもとに再分化能に関する QTL 解析を行った結果、再分化能を  
増加させる効果を持つ 4 箇所の QTL を検出した（図 2）。この内、第 1 番染色体短  
腕 TGS2451 マーカー近傍にカサラスのゲノムがコシヒカリに対して再分化能を増  
25 加させる効果の大きい QTL (*PSR1*; *Promoter of Shoot Regeneration 1*) を見い  
だすことに成功した。返し戻し交雑と MAS を用いて、*PSR1* 準同質遺伝子系統

- 19 -

(Nil-PSR1:コシヒカリの染色体にカサラスの第1染色体 TGS2451 マーカー近傍が置換した系統)を作製した。Nil-PSR1 及びコシヒカリ (コントロール) の再分化能を調査し、QTL(PSR1)の存在を確認した。第1染色体短腕、TGS2451 近傍がカサラスに置換した系統は平均で 14.7 倍再分化能を増加させた。

5   【実施例2】   *PSR1* の分離集団を用いた高精度連鎖解析

BC2F1 集団の中から *PSR1* 領域がカサラスに置換された 30 個体を選抜し、それらの種子 (BC2F2 種子) 各 10 粒ずつを用いてカルスから DNA を抽出して分子マーカーにより遺伝子型を明らかにするとともに再分化能を調査し、連鎖解析を行った。その後さらに詳細な座乗領域の特定のために *PSR1* が分離する BC3F2 種子  
10   約 3,800 粒を用いて分子マーカーによる遺伝子型を調査し、高精度連鎖解析を行った。その結果、*PSR1* は分子マーカー 3132 と P182 に挟まれる約 50.8kb 領域内に座乗することが明らかになった (図 3)。この領域に存在する遺伝子を予想した結果、Hypothetical Protein も含め 4 つの遺伝子の存在が示唆された。この内、どの遺伝子が再分化能遺伝子であるか同定するために、カサラス BAC ライブラリ  
15   ー (平均長 120kb) を作成し、*PSR1* 領域を含む BAC クローン (BHAL15) を PCR スクリーニングにより単離した。BHAL15 クローン内の適当な制限酵素部位を用いて各候補遺伝子領域を含むカサラスゲノム断片を調整しコシヒカリに導入したところ、フェレドキシン亜硝酸還元酵素をコードすると予想された遺伝子 (*NiR*) を含むカサラスゲノム断片 (図 3 の 3F) を導入した場合にのみコシヒカリの再分  
20   化能がすることがわかった (図 4)。このフェレドキシン亜硝酸還元酵素と予想された遺伝子領域およびその上流約 2kb についてカサラスとコシヒカリの塩基配列を決定し比較したところ、多数の塩基配列の変異が見出された (図 5)。

【実施例3】   培養困難品種の培養特性の改良

コシヒカリに再分化能を付与する目的でカサラスの *PSR1* 遺伝子領域 (ゲノム  
25   配列でも cDNA 配列でも可。) をコシヒカリに導入すると高再分化能なコシヒカリが得られた (図 4、図 8、図 9)。この時 *PSR1* 遺伝子の発現に用いるプロモータ

- 20 -

ーは PSR プロモーターでもアクチンプロモーターのような恒常的プロモーターでも効果が見られた。

〔実施例 4〕 *PSR1* 遺伝子および PSR1 タンパク質の発現解析

semi-quantitative RT-PCR およびリアルタイム定量 PCR によりカサス中の *NiR* mRNA の発現量を調べたところ、カサラスではコシヒカリの約 2.5 倍量の mRNA が存在することが分かった(図 6 左写真上段、中段、および右のグラフ)。また、*NiR* タンパク質に特異的な抗体を用いたウェスタンブロット解析においても、コシヒカリよりカサラスで *NiR* タンパク質が多く蓄積されていることが分かった(図 6 左写真下段)。さらに大腸菌で発現誘導した *NiR* 組換えタンパクを用いてナフチルエチレンジアミン法によりタンパク質量あたりの *NiR* 酵素活性を比較した結果、カサラスの *NiR* タンパク質はコシヒカリの約 1.6 倍高い酵素活性を示すことが分かった(図 7)。以上の結果から、コシヒカリとカサラスの再分化能の違いは、第一に *NiR* 遺伝子の転写調節レベルの違いによるものであり、第二に合成されたタンパク質 1 分子あたりの活性の違いも要因となっていることが明らかになった。

〔実施例 5〕 再分化能を選抜形質とする形質転換

カサラス *PSR1* 遺伝子をコシヒカリに導入すると再分化しないコシヒカリに再分化能を付与することができる。このことは、コシヒカリの形質転換を行う際に、カサラス *PSR1* 遺伝子を選抜マーカーとして利用することが可能であることを示している。すなわち、カサラス *PSR1* 遺伝子と目的遺伝子を並列に組み込んだベクターをコシヒカリに導入すると、*PSR1* 遺伝子が導入された細胞のみが再分化能を獲得するため、再分化した植物体には同時に目的遺伝子も導入されていると予想される。そこでこの考えを実証するために、バイナリーベクター pBI101 の T-DNA 領域内にカサラス *NiR* genome + 35S promoter *GUS*, カサラス *NiR* promoter :: *NiR* cDNA :: *NiR* terminator + 35S promoter *GUS*, イネ Actin1 promoter :: *NiR* cDNA :: *NiR* terminator + 35S promoter *GUS* を含むベクター、



- 21 -

および *NiR* 遺伝子を含まないベクターを構築し、コシヒカリに導入した。その結果、*NiR* 遺伝子を含む 3 種類のベクターの導入では多数の再分化個体を得られ、かつそれらが由来するカルスでは GUS 遺伝子による染色が認められた (図 8)。

さらに、毒性を示す亜硝酸を代謝する性質を有する *NiR* 遺伝子の特徴を利用すると、高再分化能品種への形質転換においても *NiR* 遺伝子をマーカーとして利用  
5 できた。具体的には、イネの高発現プロモーターの 1 つであるアクチンプロモーター制御下で *NiR* 遺伝子を過剰発現させるベクターを高再分化品種カサラスに導入し、通常の野生型では増殖抑制される濃度の亜硝酸を添加した培地上において培養した。過剰に発現させた *NiR* 遺伝子の効果により形質転換細胞のみが増殖し、  
10 増殖した細胞にのみ GUS 染色が認められた (図 9)。この選抜方法を用いることにより、従来の微生物由来の抗生物質耐性遺伝子を選抜マーカーとする場合に比べて抗生物質のコストが削減できる上に、再分化した植物体には微生物の遺伝子が含まれないため、より環境に考慮した組換え植物の作成も可能になる。

#### 15 産業上の利用の可能性

近年、有用植物の開発や遺伝子の機能解析などにおいて形質転換法を用いた研究が加速している。形質転換法は交配と選抜を主体とする従来育種では不可能な生物種を超えた遺伝子利用が可能なため、これまでにない新たな植物を作出できる可能性がある。また次々と解明されるゲノム配列解読を受け、個々の遺伝子機能の解明を目的とした遺伝子破壊や発現制御解析なども形質転換法を利用して行  
20 われている。一般に形質転換植物を作製する場合、導入したい遺伝子と抗生物質などの薬剤耐性マーカー遺伝子とを共に含むプラスミドベクターをアグロバクテリウム法や電気穿孔法 (エレクトロポレーション法) などで植物細胞に導入し、薬剤処理により形質転換細胞を選抜する。選抜した形質転換細胞は細胞増殖を経て植物体へと再分化される。つまりこのような形質転換法を利用するためには組  
25 織培養技術の確立が不可欠である。また組織培養技術は、形質転換法だけでなく、

- 22 -

培養変異による変異体の作出、細胞融合や胚珠培養による品種育成、遺伝形質の固定や育種年数の短縮などにも非常に有効である。

イネは主要穀物の中ではもっとも培養技術の利用が進んでいる植物ではあるが、その培養特性が品種により大きく異なることが問題とされている。特にコシヒカリやあきたこまちなどの日本における主要品種や熱帯地方で栽培されている多くのインド型品種は培養が困難であり、これらの品種は組織培養の材料にすることができない。このような培養特性の品種間差はイネに限らず多くの植物に共通して見られる現象であるが、その原因の解明は進んでいない状況にある。

発明者らによる再分化能に関与する遺伝子の単離により、高再分化能形質を分子マーカーを用いて、効率的に選抜したり（マーカー選抜育種）、分子生物学的手法を用いた再分化能の改良が可能になった（分子育種）。また *PSRI* 遺伝子を選抜マーカーとして利用することにより、より安価で環境影響に配慮した形質転換植物の作成法が可能となった。

イネ、トウモロコシ、コムギ、オオムギなどの穀類は、人類の主要エネルギー源となっており、人類にとって最も重要な植物である。これら穀類はすべてイネ科に属し、同一祖先から進化したと考えられており、お互いに高い遺伝子の相同性（ゲノムシンテニー）を有する。この中で最もゲノムサイズが小さい穀物がイネであり、イネが穀類のモデル植物として利用されている所以でもある。イネの遺伝子はその類縁のムギやトウモロコシゲノム中にも存在し、イネで単離された遺伝子はムギやトウモロコシから容易に単離する事が出来るばかりか、ムギやトウモロコシなどの穀物育種へ直接応用することも可能となるので、本遺伝子は、イネのみならず、広く植物に応用可能と思われる。

- 23 -

請求の範囲

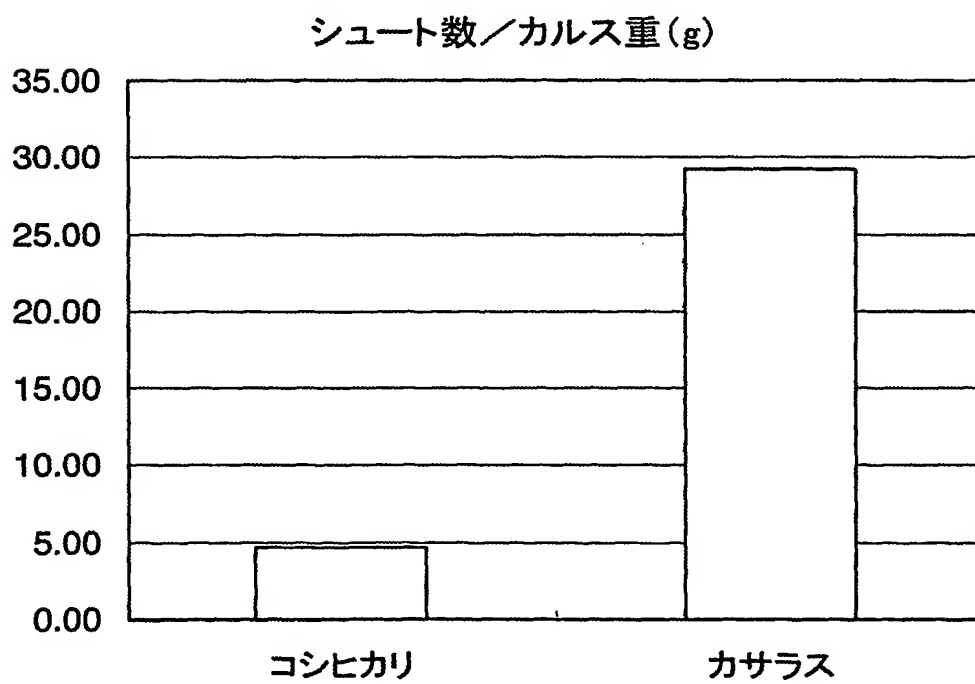
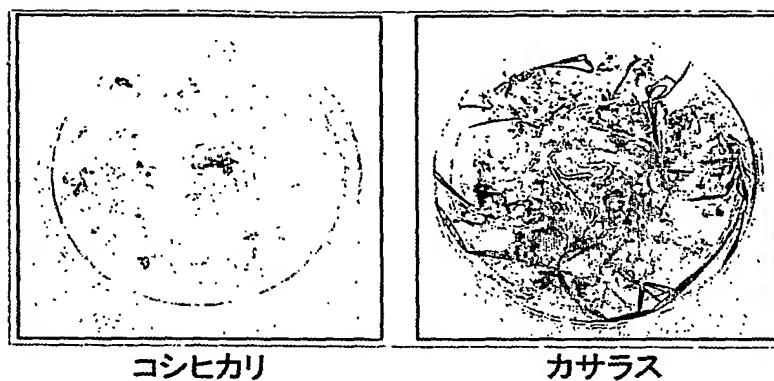
1. 植物の再分化能に関与する、下記 (a) から (d) のいずれかに記載の DNA。  
NA。
- 5 (a) 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。  
NA。  
(b) 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列のコード領域を含む DNA。  
(c) 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列において 1 または複数のアミノ酸が置換、欠失、付加、および／または挿入されたアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする DNA。  
10 (d) 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列からなる DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズする DNA。
2. 配列番号：3 に記載のアミノ酸配列からなるタンパク質の部分ペプチドをコードする DNA。
- 15 3. 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列のプロモーター領域を含む DNA。  
4. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を含むベクター。  
5. 請求項 3 に記載の DNA を含むベクター。  
6. 請求項 4 に記載のベクターが導入された宿主細胞。  
7. 請求項 4 に記載のベクターが導入された植物細胞。
- 20 8. 請求項 7 に記載の植物細胞を含む形質転換植物体。  
9. 請求項 8 に記載の形質転換植物体の子孫またはクローンである、形質転換植物体。  
10. 請求項 8 または請求項 9 に記載の形質転換植物体の繁殖材料。  
11. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を植物細胞に導入し、該植物細胞  
25 から植物体を再生させる工程を含む、形質転換植物体の製造方法。  
12. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA によりコードされるタンパク質。

- 24 -

- 1 3. 請求項 6 に記載の宿主細胞を培養し、該細胞またはその培養上清から組換えタンパク質を回収する工程を含む、請求項 1 2 に記載のタンパク質の製造方法。
- 1 4. 請求項 1 2 に記載のタンパク質に結合する抗体。
- 5 1 5. 配列番号：1 もしくは 2 に記載の塩基配列またはその相補配列に相補的な少なくとも 15 の連続する塩基を含むポリヌクレオチド。
- 1 6. 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を植物体の細胞内で発現させる工程を含む、植物の再分化能を増加させる方法。
- 1 7. 請求項 1 もしくは請求項 2 に記載の DNA、または請求項 4 に記載のベクター  
10 を有効成分とする、植物の再分化能を改変する薬剤。
- 1 8. 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における請求項 1 に記載の DNA または請求項 1 2 に記載のタンパク質の発現を検出する工程を含む方法。
- 1 9. 植物細胞における再分化能を判定する方法であって、植物細胞における請求項 1 2 に記載のタンパク質の活性を検出する工程を含む方法。  
15
- 2 0. 植物における内因性の請求項 1 2 に記載のタンパク質の活性を制御することを特徴とする、植物の再分化能を改良する方法。
- 2 1. 形質転換植物細胞の選抜方法であって、  
(a) 請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を選抜マーカーとして該 DNA  
20 を含むベクターを植物細胞に導入する工程、および  
(b) 該植物細胞を培養し、再分化能を獲得した植物細胞を選抜する工程、  
を含む方法。
- 2 2. 植物における内因性の請求項 1 または請求項 2 に記載の DNA を交配により  
25 置換することを特徴とする、植物の再分化能を改変する方法。

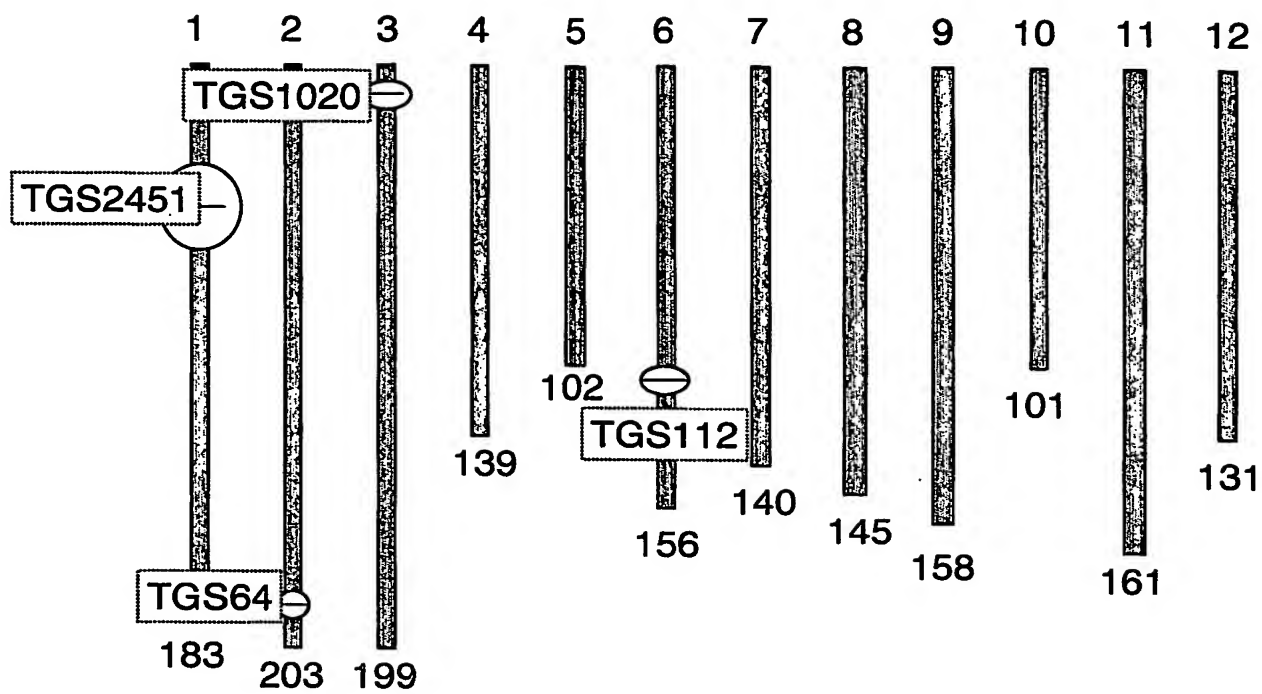
1/8

図1



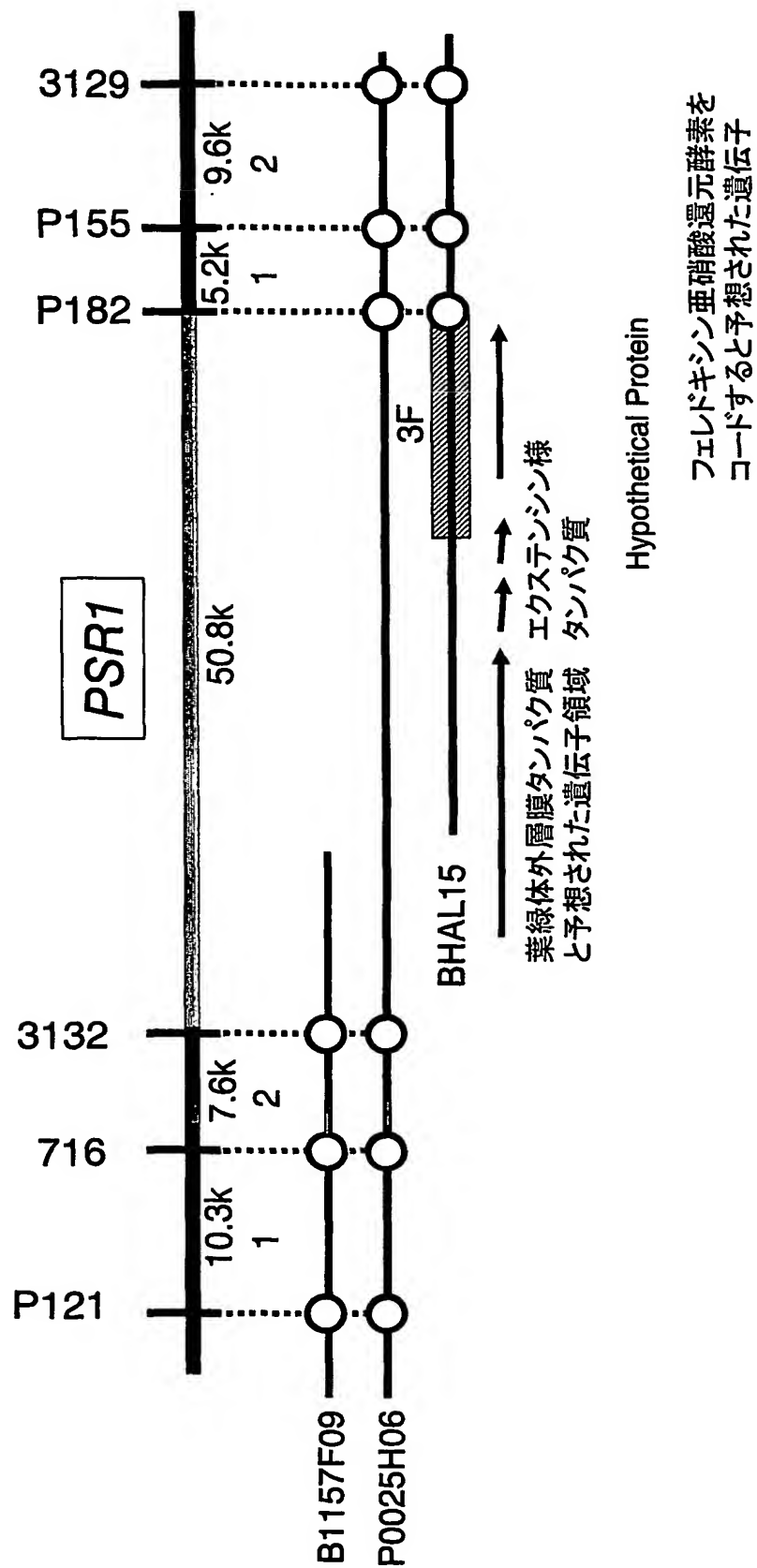
2/8

図2



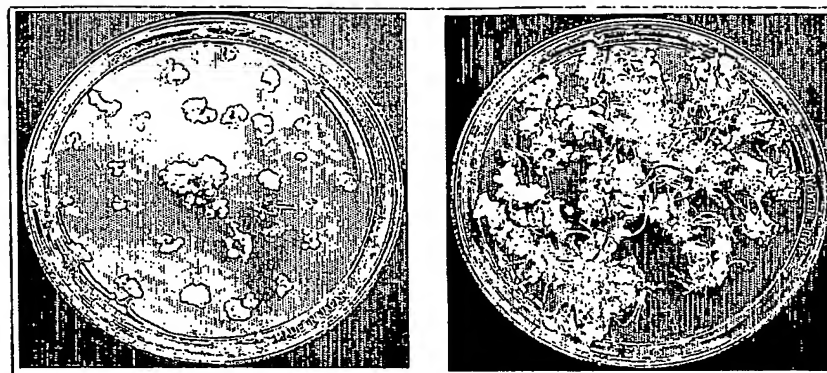
3/8

図3



4/8

図4

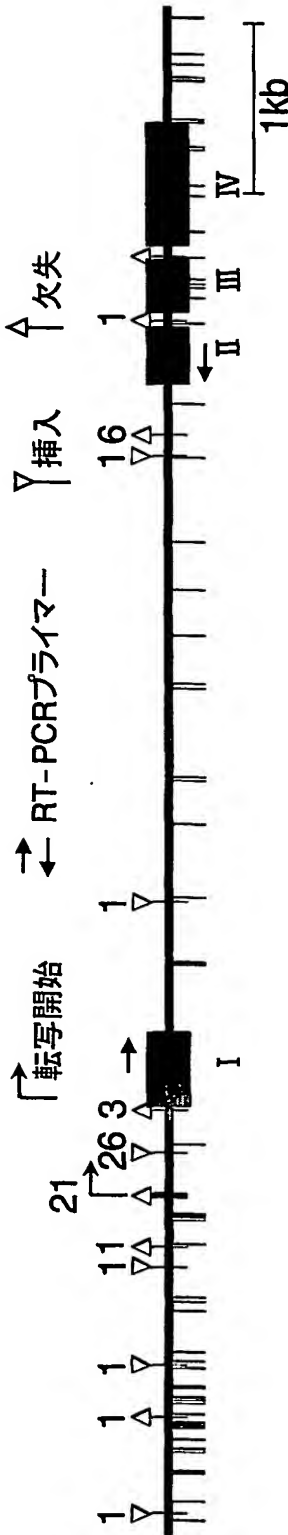


ベクター

3F



図5



1	MASSASLQRFLPPYPHAAASRCRPPGVRARPVQSSSTVSAPSSSTPAADAEAVSAERLEPRV	60
61	EQREGRYVWLKEKYRTGLNPQEKVKLGKEPMSLFMEGGIKELAKMPMEEIEADKLSKEDI	120
121	DVRLKWLGLFHRRKHQYGRFMMRLKLPNGVTTSEQTRYLASVIEAYGKEGCADVTRQNW	180
181	QIRGVTLPDVPAILDGLNAVGLTSLQSGMDNVRNPVGNPLAGIDPDEIVDTRSYTNLLSS	240
241	YITSNFQGNPTITNLPRKWNVCVIGSHDLYEHPHINDLAYMPAVKGGKFGFNLLVGGFIS	300
301	PKRWEELPLDAWVPGDDIIPVCKAVLEAYRDLGTRGNRQKTRMMWLIDELGMEAFRSEV	360
361	EKRMPNGVLERAAP <sup>E</sup> DLIDKKWQRRDYLGVHPQKQEGMSYVGLHVPVGRVQAADMFEELAR	420
421	LADEYSGGELRLTVEQNIVIPNVKNEKVEALL <sup>S</sup> EPLLQKFSPQPSLLLKGLVACTGNQFC	480
481	GQAI IETKQRALLVTSQVEKLVSPRAVRMHWTGCPNSCGGVQVADIGFMGCLTKDSAGK	540
541	IVEAADIFVGRVGSDSLHAGAYKKSVPDELAPIVADILVERFGAVRREREDEE	596

(配列番号:3または6)

6/8

図6

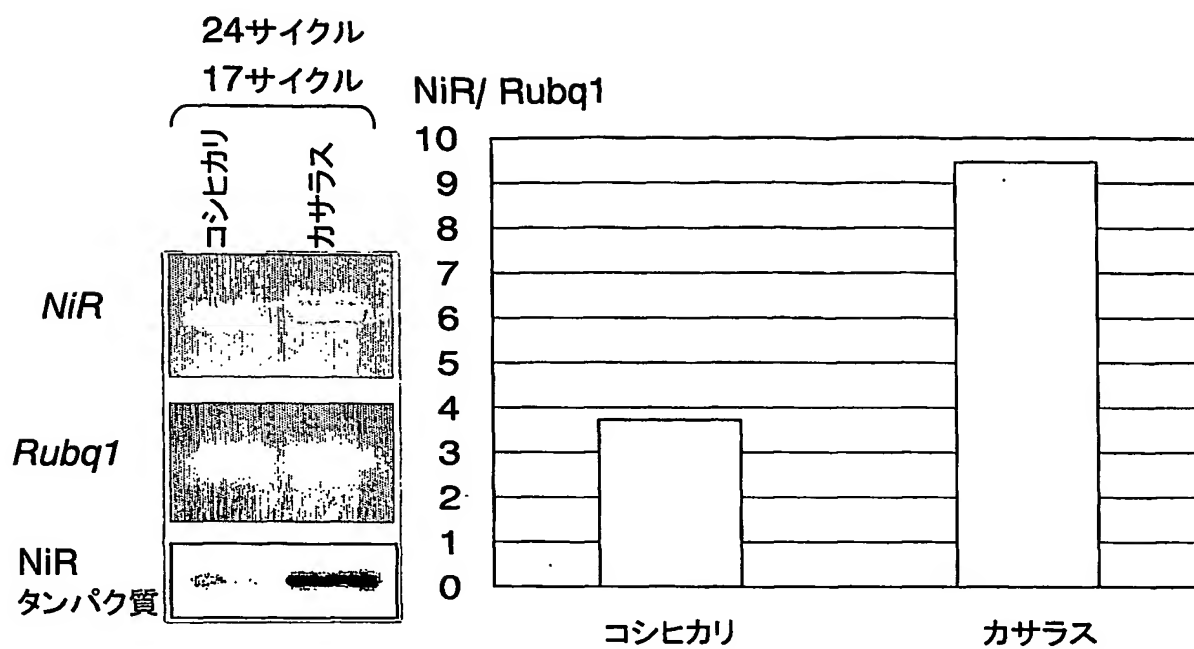
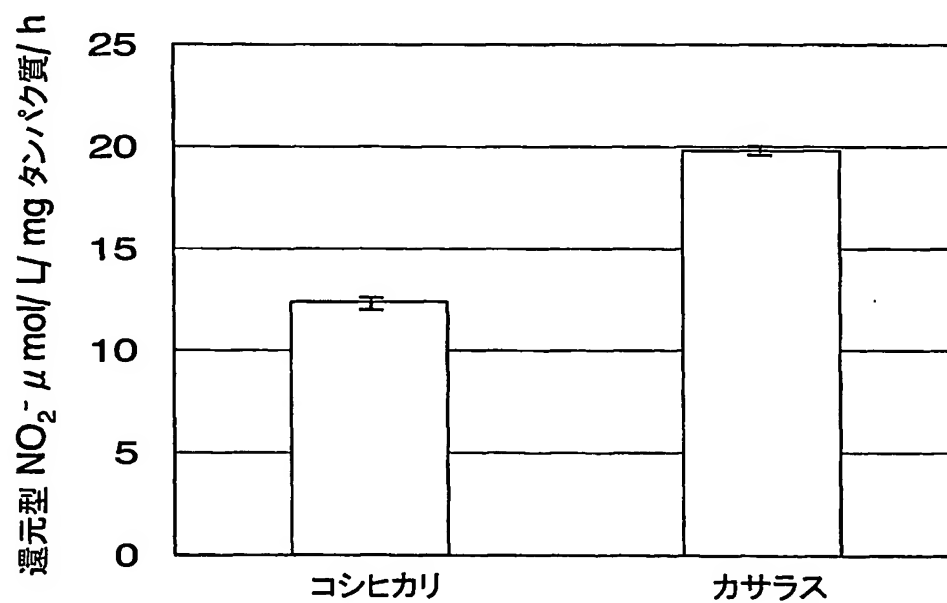
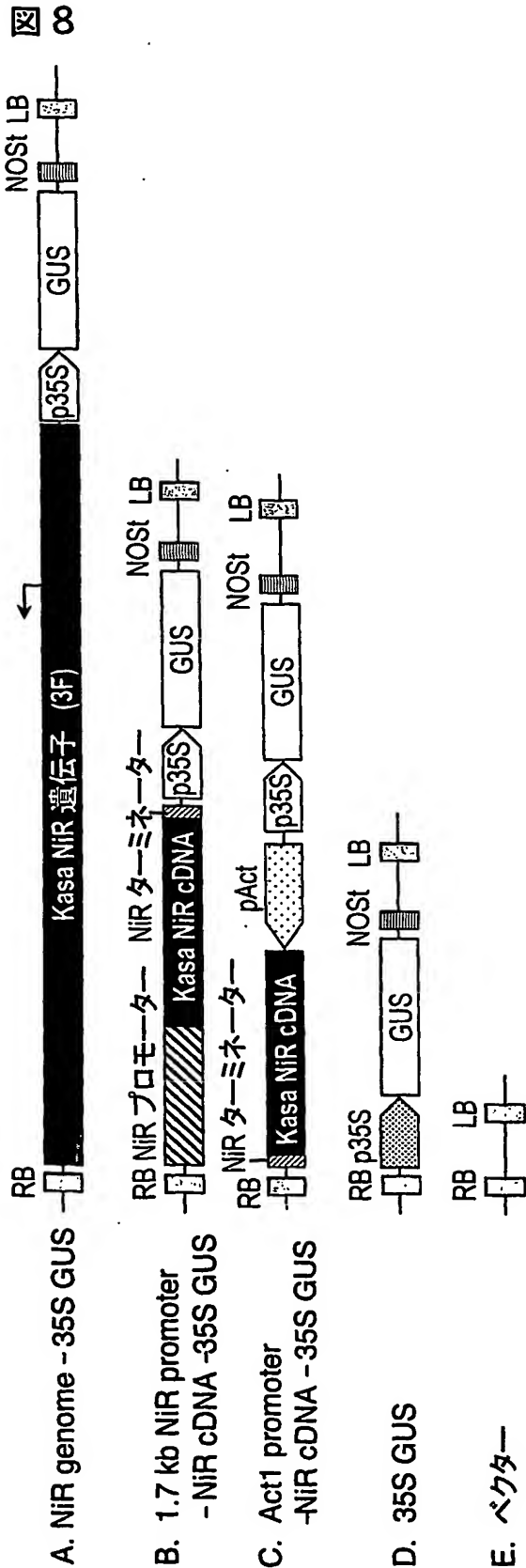


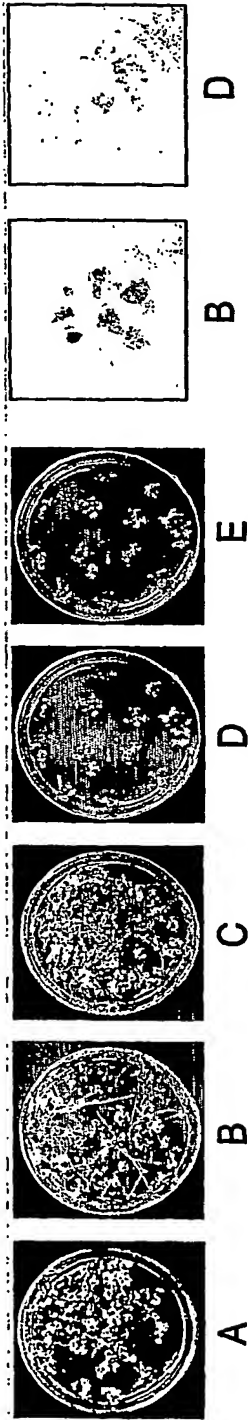
図7





再分化比率

GUS発現



	再分化カルス	GUS染色カルス	GUS染色カルス %
A. NiR genome - 35S GUS	29	28	97
B. 1.7 kb NiR promoter - NiR cDNA - 35S GUS	54	48	88
C. Act1 promoter - NiR cDNA - 35S GUS	42	34	81

8/8

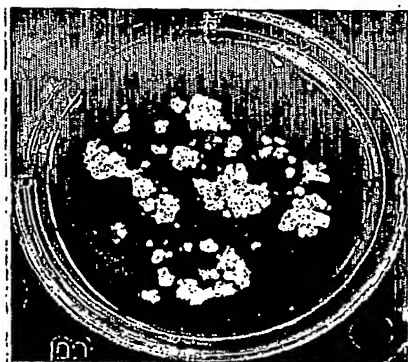
図9

 $+NaNO_2$ 

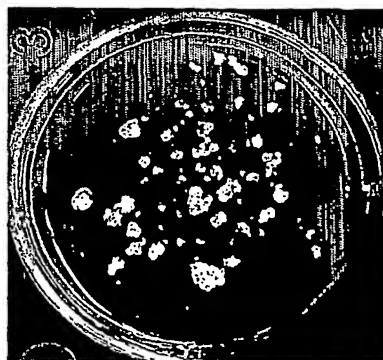
a

b

GUS染色



a



b

1 / 68

SEQUENCE LISTING

<110> HONDA MOTOR CO., LTD.

<120> GENES THAT INCREASE REGENERATION ABILITY OF PLANTS AND USES  
THEREOF

<130> H3-A0301P

<150> US 60/491837

<151> 2003-07-31

<160> 6

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 12161

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> exon

<222> (6010).. (6418)

<223>

2 / 68

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; exon

&lt;222&gt; (10247).. (10601)

&lt;223&gt;

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; exon

&lt;222&gt; (10703).. (10991)

&lt;223&gt;

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; exon

&lt;222&gt; (11076).. (11813)

&lt;223&gt;

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (4429).. (4429)

&lt;223&gt; "n"=a, t, g or c.

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (4479).. (4479)

&lt;223&gt; "n"=a, t, g or c.

&lt;220&gt;

3 / 6 8

<221> misc\_feature

<222> (4520).. (4520)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc\_feature

<222> (4555).. (4555)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc\_feature

<222> (4561).. (4561)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc\_feature

<222> (4563).. (4563)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc\_feature

<222> (4577).. (4578)

<223> "n"=a, t, g or c.

<220>

<221> misc\_feature

4 / 6 8

&lt;222&gt; (4823).. (4823)

&lt;223&gt; "n"=a, t, g or c.

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (7186).. (7186)

&lt;223&gt; "n"=a, t, g or c.

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (11994).. (11994)

&lt;223&gt; "n"=a, t, g or c.

&lt;400&gt; 1

ctcgagcttt tttgactgcc ctaatcaggc gggttccttg tgggaccac ataatgcttt 60

ttttaatcgc cttcacgggc tgcatgcaaa ctatacggca tgggacttcc actactagaa 120

aaaacgggcg gtcgaaacac gttttcgcag gcaggcaaac cttccacatg tatcttaacg 180

accgtaaaaa tctccaattt tcacaggtgg accacagcac cgttttcgca ggctacattt 240

cgaatcttcc tgggtgctac agtaaaccac ctgcaaaaat actcacggcg ccaaaaaaaaa 300

tttcgccag ccccgcccc tccctattca aatcaciaat caciaattct caciaatctc 360



5 / 6 8

atccaaaaac aaaatccaat ccaaaaatcc atacatcaac acaaagcatt ggattcaaat 420

ccacaacatc aattttacaag ttaacatcaa tcaacatgta agctttaaaa cgaaacgtcg 480

tcgtcgccgg caaactcctt tgcattgcgt gccgtgccg ccccccctccc cctctgtccg 540

gatttgggag ggagggaggg aggtgtttgc cgccaccacc gccctcccct ctctctgtag 600

ggccggatct cgggagggag gagaggggag ccgcctccgc acagccatca acgtccgtgc 660

cgccgtcgcc tcgttcgcac caccgccgtt gttcccctc ctccggccag atctaggagc 720

ggggaggaag agagggggag ccaccgccac cgtcgcccc tcgctccgc gccgtcgtca 780

ccgtccacgc cgccgcgtcc gtgccgccgc tgctgctccc cctcctctgg cgaggaggga 840

gagagaggga gccgtcgcgc cgccgtcgct cccctccttc ggcgaggagg gagagagggg 900

gagggaagag ggatggaggg gaggagagtg gcgctgagag agagagagag agacgctgag 960

gagaggaaat gagtgggtggg gaggggtgga ggagaagata aggaggactt agatTTTTTT 1020

ttgggtaggt atgatttttg caggcggacc acataagggt ccgcctgcga aaatcaattt 1080

tttcacgcag accacttaag aggtccgcat gcgaaaataa aggtatTTTT ttaggcagac 1140

6 / 68

ctcttaagtg gtccgcctgg aaaaattgat tttcacaagc agatgacgaa aattcacccc 1200

ggtttatatt ttcgaagatg cttcatcgac gacatcgacc gcgtcctcta tgacggcaac 1260

gaccgcgtca ccgacaacgg catcgatcac gtcatctacg atgacaacga ctgcatcaac 1320

tccgcatcac tattgtgatg actgttacat ggcgtagaag aaccaaccaa agtgggtggcc 1380

tcacgcgcaa cgacgtcctc tgacatatgc aagacgtccc caatggcatc ctcagacatc 1440

tacaaggtgc aagatgctaa caattacagt ttttgtcttc aactgtggc ataaatattt 1500

tttttcgcct tcggctatat tcggctacac ctacaaccac gttactaca tgatcggctc 1560

catcaacgaa catctataac aacaatcatt gacggaaact ccagtcaaga gcgtctgtgt 1620

catcgctatc ttccatgaca ctcccgtat gactacgtga gggaatagag gagagtcaag 1680

ggacgacacg gaaggagacg taggcaccag gtggaggacc gtccatcaaa gatgcaattg 1740

atgatggtga gttgaagaag atgaagaaat aaaagatttc aaatccagtc gcaatcgttc 1800

gcttcgctcc cgttacgact gagggggaat gttagaagca tagatatatt aattggagat 1860

aagagtcata caaatataga gataagatat catcctagag atagaattct atagataaaa 1920

7 / 68

tagagtccta gagataaatc tactcttact tgtaccccta tatatacccc atgagaggat 1980

caatgcaata caccgagaat acaacaatta gattttttta cagttgtaac tatgatacgt 2040

tgtaatatgc tggatcgggg aagagcgccc gtaatcagtg cccagagat gtaggtctcg 2100

gctgaactcc attatcaaat accgtacctc ggtgttgtca tcatgtttga atcttctatg 2160

acgtttcttt tgcattcggg tttcgatgtg acttcagggc tggttttata ataatgatta 2220

tagtgctgtg acggcaatcg gttgtgagaa ttagctattc ggtccctcc atgtgatttt 2280

cttgtgattg ggatgtatgg taatgctagg gttttaaggt gtaggattgg tgcagagag 2340

atcatcactt cacttgtatg acctctctc cttttatatt tttttatcat tctctcttt 2400

tttttataat gctactgaac tagtggaata caggggacta atgcaaaata aaagaaaagt 2460

atcactgggc acggcataca atttagaaag tgtgtgattt aggcatagag ctgaccacga 2520

ccctttacga cttggctcgt cggtttgtta gacgatagat caaccaacaa aagctacgat 2580

acatgatgta cgtgtcagga tacaaatcct tacaaataac aacagttatt gttcgataac 2640

ttttatcagt tgtctaggct taccaatgta taatagaaga tgaaaattcc atattactgg 2700

8 / 68

tatcgatcaa tgctagtaac tctttgagct ttgtctaggt taaaaaaaaat tatggatcca	2760
ccatcacaaa aatgaaaaac accgggggaaa aaaaaaacc atttaataac agcacaagac	2820
aaaatgatgt taccgtctac ccgagctcct actccgtacc agcacaacca aacgaacagt	2880
acccgccggg tcaggggcac gttcgtaaatt ttccctcccg tggctggctg gctgccatct	2940
ctctcagcca gggttggtaa tttcggccgt ttcggtgggt ccgatagta aatgagctcc	3000
agtcaaaacg ccctctgcct ccctcattg cgccacacgc acaccgcac tagatccaga	3060
togaaaaaat cgccatctcg ccgagtcgcc agtcgccgcc tcaacgccgg tcgccgtacc	3120
gccggcgctg cagcccccc tccaagccgt cgccccatcg ccccagccg cccggtggtg	3180
gggcagcgga tgccgagctt ggcgagggtt ccgaggacga accaggcgag gaggacgagg	3240
atcttgctga cgagccagag cgggagccac gccatgagca acacggcgag ctggaacgtg	3300
gacttgccga gcacctgcc agggaggacg tggacggcgt cgcgaccac catcgccggg	3360
aggcgctgt ggtcgagag gtcgagcgac accaccatgc cggagttgcc gcacccgacg	3420
acgagcacct tcttgccgcg gtacgcctcg ccggacttgt agaccgcgac atgcatcacc	3480

9 / 68

tcgctgctat atttgttctt ggactgtgga gacttgctgt cagtgggtgt gttcagaatt 3540

gctgctgcag cttgcagcga atttgtgatg cagcagctac agcttgatg gctgccgagt 3600

agagcgagtg ttgctatctg tttttgttc tctttttcag aaatttcgcc cgcaaatttt 3660

aaatttgaat tcaaattttt aaaagaacta gcaaatatgc ccgtgcgttg caccgggtga 3720

atatcaaaca aatattgatg ggtaagattg cttgtgtact tataacacat atgcacaaaa 3780

atattgaata tgtacatacc tcgcaaatat ctccaaattt tatacatatg agttgtgtaa 3840

atcgtgtgag ttccatattg tcattgtgat atggagtatt actgatgagc ccatctatgg 3900

tgataatttt ggaggttgta gctcaacgaa tttgtatttg ctatgtatct caacgttgat 3960

aagtcactac cacaaccatc ggcgacctt ctcgggatcc aagcatgttg accccgcaa 4020

cgtggcgtcg gtgcagggca ccgagatgaa caccacgggg ctatgtgcct gtccagggtc 4080

atcctaggct taaggccacg acactcaagg acgtggtggg cggcgtcgcg gaggtgctcc 4140

aagcgaacaa gctggccacc aaggaggacg ccgacaaggt ggcggccacc gctatgcaga 4200

acgatgggag gcacgccgtt gacgacaagg agctaacacg atccatttag tccgatccg 4260

10 / 68

agttgatcag gaattcaatc ctgcaccttg cggttacgtt tttcttctcc gcgggaaaag 4320

caatcaccca tggtagggac aaagtgtgtg tgagaacgga ggccaggcca aagtgcgtgc 4380

gagaacggag gctaggccat cgctggattg gatttacgaa tgaaatatng atgtgacgaa 4440

cagaaaatta tcagtttgat ttaattttca taatcgganc tctttaatag gaaââââââat 4500

tacatgtacg ttccttcattn gtgcccattg ccatccggga gtccagggtt attcncaaag 4560

ncncaatcaa cagctannaa tccatgtcct tccccgccgt tccctactct gctttttttt 4620

ctttcatttg aaaccttcgc ctatgaattt ctagtcgttc ctagcatcca cgcacacaaa 4680

atagatttcc ctgcgaaggc aaaacataca aatatgagtg catgcaagat attacaaacc 4740

caatccatta aaaatagaac ataattaact ttagcctacc tatctcaata ttggtatatg 4800

cccaaactca aaaggagaaa aancaaacta aaacttttaa taaagtgacc ccaagagata 4860

aaaaggatgat agtaacaaca aaatctcact tgacaatgtc gttgatcagc actattttta 4920

aatattactt aaaaatcttt atatttacct attaaaacaa tgaaaaacag aagatgtttc 4980

ttttttattt acaacagcgt tgtatttagt catgtcctat ctaagagaga aaaatgaatt 5040

11 / 68

taacgaaaag aagctcagaa aaaaaaaga gaacagggcc accacaccag taatccctat 5100

gttatcaatg aaaaaaaatt tcaatgctag gttttttata agaaaagggtg ataaagtgtt 5160

gaaaaataca gcaggaaatt atatatcttg ctggtttaac attaattcaa gcatatagat 5220

ataaaaatat atcaggctag gaaaggaaaa ggataaaatt ggagagaaaa aggaaaaagaa 5280

cagtagagga taaccagcaa aaagatgaaa ggattcgaac ccatgaccta gcgttacaat 5340

tgtttcacag gctaaccaat cgagaatcat cgacgtagtg taatcttgtg tagctacatt 5400

tgaaaaaata tgttttgagc tgaacgttgg tgtgtccgcc cctgcatccg atacatgttg 5460

gagcgtggag cgcggtaata tctccttctc tctcgtcgtt ttctgcgtct ccccgctctct 5520

ccttcgccaa cagccgagaa gaggcagaga gagcgccgcc ccccgtcctt ctctctccct 5580

ctcgtcctcg ccccatccc tctcgtcttt cccttgccgg cagcagagga ggcggcagcg 5640

acggcttcag ctgctccac gggccggatc gggcagtggc ggtggcgtcg gcggcttccg 5700

ctggcgaatc cggcgggtga atcgggtgaa atttgggtga ccccgatac aaatcagtgt 5760

tccgataggt aataccctgc tctcagcatc tgcccttttg aattcgccaa gagccagcat 5820

1 2 / 6 8

ctgccctttt gaattcgcca agggccagca tctgcccatt tgattttgaa ttcgccaaga 5880

gccagcaaca gcgccccgc gccccctccc tcctccgcaa taaacagcca cacgcgccgc 5940

ccccatgtcc accctcatcg ccacagcgca ccaccaccac caccaccacc accaccaccg 6000

tctccagcc atg gcc tcc tcc gcc tcc ctg cag cgc ttc ctc ccc cgc tac 6051

Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr

1

5

10

ccc cac gcg gca gca tcc cgc tgc cgc cct ccc gcc gtc cgc gcc cgc 6099

Pro His Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg

15-

20

25

30

ccc gtg cag tcg tcg acg gtg tcc gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg 6147

Pro Val Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ala

35

40

45

gcg gac gag gcc gtg tcg gcg gag cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag 6195

Ala Asp Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln

50

55

60

cgg gag gcc cgg tac tgg gtg ctc aag gag aag tac cgg acg ggg ctg 6243

Arg Glu Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu

65

70

75



1 3 / 6 8

aac ccg cag gag aag gtg aag ctg ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc' 6291  
Asn Pro Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe  
80 85 90

atg gag ggc ggc atc aag gag ctc gcc aag atg ccc atg gag gag atc 6339  
Met Glu Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile  
95 100 105 110

gag gcc gac aag ctc tcc aag gag gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg 6387  
Glu Ala Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp  
115 120 125

ctc ggc ctc ttc cac cgc cgc aag cat cag t gtagcctct cttctcttgc 6438  
Leu Gly Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln  
130 135

tcctctgata aacacatttt cttgctttcg ttcggttatt tgtcgcgccg aggaagttaa 6498

ttcgccaaga tattctgcag ttttttttct cgatgcacat tcagcaacct aattaagact 6558

gattaagttg ctgtgatttt tatagcttaa ttacgggtctc gtgggtaatg actatttata 6618

ttgagtaaac atggttacct ttgatccaat cacttcacct ccatgtgcca tatatagcca 6678

caggctctac caagtaacac tagtaatatg cccgtgctac gacacggtgg cataataaat 6738

1 4 / 6 8

cattaaattt tattataatc aaattaagga tcctaaaatt ggtccaattg ggtgttaatt 6798

cgatgcaggt catataaaaa tatatttttag gcaagggtgca attcaagagc atcaaccatt 6858

atatccaatc actttaatat atatttgaag ataacatatg tcggaaaaaa aatgatggag 6918

agctatttca ttaacttgtg agcataaaca gatcaccaga tgatgccacc ataagtcccg 6978

ccacagtaag tgatgcagct catcttgccc taggcgttcg gtctaaccag tagatagaaa 7038

gagtacaaca tagatcgaat gaaaaaaaa atctccagaa gaaagctcaa ccacattgag 7098

taaattagag caacaatcaa atcgagtcag catatcgtta tgttagcaga accaatcacc 7158

acaatttggt tctcctcttt atctaagngt tttggccagg ttaaagcat atatcactat 7218

gttccaagca aacatcggca atggacacgt caaaaataaa tgatcaattg tttctttgag 7278

tacaaaattg acaatggaca ctatgttctt ttgttagaat tctatttgtc agggtaggat 7338

gtagaaaaac ttaactttta gaggaagctt aaatatccgg cataaacttg ctttttcagc 7398

gctctataaa ataattcaac agtgaattgt ccatcttttc taagtgtcc aaaagacact 7458

aagttgaaaa accaggtgaa ccaacagatt gatccacaaa atcttattat tagattattc 7518

1 5 / 6 8

acttaaaagc ctgtctttat ttcaaacata taaaaacaga agttattaat cagggaagcg	7578
cttatggcag cctgagcgaa ccagtgatag caagtggatga aaacagtaaa taggatacat	7638
aaaaattata caaggtttct actgtttatc gaaaaaaaaat atttgaaaac agtaaatagg	7698
atacataatc gatttccaac ttgtccttat cataacatcc agaatacaca caagaattgc	7758
aacgaatata tagtcgactt gagctaagaa gtcacaagac ctgtcaaagt aagctgccct	7818
tgatcttgaa gtgaaaggca tattttattg tcttccttgg caaacagata tcactgtctt	7878
cagcagttca gttagataat ccaagatttc tcacggagaa gagcatatca ctcacatcag	7938
tgttgtgccc tccaaatact gagataaact gaattttgtt ctctttgaag catctgcagg	7998
cattaacaat aataatactt tacaaagttt cattgggtct aaactattgt ttgcacatca	8058
tatatatgcc cagaactttt tagcatgata caagggtcct gttcataact catgcctaaa	8118
tctgacaaat ttgtcaaagc acaatataag tcgaattata atgcgtttta gaattgacgc	8178
caaaactttt gctagcgtaa gtaactcttc cacctcccag catgcataca accaacaagc	8238
taaacttttg ttcaaaaaaa tgtacattta tttccttgaa cacagccttt gtagaatatg	8298

16 / 68

attaaaaact catggatgaa tgaaataatg taaaagaatg gtcaaaatga tgaatagtag 8358

aagaagcaac tgtgaacatt tcacctttac ctgactgttc gcaagaaggc cacgtggcag 8418

aaaagccaga aatgcaagaa gcttccctaa ttgatacacc atcaagaaat caatggactc 8478

aacaccagcg tccgcccgaga caaaatgaat gcaggcacct aaaatataga accattgact 8538

tttcaacact gaattatata acctgaatat cttgttttgt taacacatct gacaaaatca 8598

gtgcattctg ttccatatag atgtatgcat agctcccata tgtagttga tcatgagca 8658

tgcaaaactat acacacctta cgttactccc tctgtcaaaa aaaatataag cttgtctaga 8718

tacatagcta caaatgctta tattttttgga ttctcttaaa gctgtagaaa cttttatcgc 8778

cccgccatgg caagtcgagc tgccatcccc aatgaaagcc ccacacagg tttcatgccc 8838

tgctgcacaa tattgagcaa ccaaaaatat aataatattt gtgtcagaat ttgaatcaac 8898

cttacagata ctgggtggcc agaaaatcta gtccaagtaa tctctgaaa aatagcaact 8958

ggcaaatact aaaggcagtg aagagtttcc tttagatcag atgataaaaa aaaatcatat 9018

gttcaatagc aataatcact cacatTTTTT ttgctgttta gaatttagat aaatagtagt 9078

1 7 / 6 8

taaacttcta tagcttgcggt agctaagatc aatgggtgatt attagttgaa aaaataatca	9138
aatcatcaaa ctgaggagac ttatacctgc cataagttct gaaatttcaa tgatcctagt	9198
caatatttac tgtatatata gaattaggtc caaaagatga tacttacaat taaggatggt	9258
gtattgatcg gttcataact caagcttcta tttatcatta atcaaaagct ggatcattca	9318
tgcataatac ttgccgcac tcaacatagc agctcggagt cttctttgtt cagaagcgag	9378
gaaggagtca acaaataagt actgcaatgt taaacaaacc gacatatcaa atcccaaatt	9438
aagaatgcat gatttattaa tacaggaaat atatgatcaa gtcccaaaaa gtgagtcattg	9498
ttatgtacac tcagtcattca atttcaataa gaatattaac ttgctcattg gtatatggat	9558
ttgattatga cataatttga caatacattt acagaataaaa cttgcagtgc tgtgagcata	9618
tgttactaac atgtaaggac cttgttttgc tctgttcaat actcatgttg atcttgatct	9678
gtgtccacat atacctaaat gaaatgaaat caaagaatga ggtttgtagg agtggagtgtg	9738
gtgaattata gggtagataa tgtcggcaca accgtttgat aagtagtacg agtactttat	9798
ttggcgccac cgcgccagca tcagatgtgt ggcctttgca ctgattgaac ccaaaagaaa	9858

18 / 68

aaaaaaagtc gttttgggtcc cacacaattc tacttcatct gcaggatgta cagaaggtta 9918

catatctatt ctgttctatg ctctgtttac atttataagg gctcacttgg tggctgtcat 9978

tggttggctg gtgcgggtata ttactaatag gttttttaat ggcatatatg ttcttaaaat 10038

aaaccagaaa agcaaaagat caactatctt agccacacca atgaaatgga atatactgaa 10098

ctgtcacggc taaaattctc ttcagtcacc tggcccagct ggagccgtgg gctcgtcgtc 10158

ttttctaaac atgtactagt attttggggg cccacagtga atttggccca aaatgctgac 10218

agccgctcta cggctctacg ctgtgcag at ggg cgg ttc atg atg cgg ctg 10269

Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu

140

aag ctg cca aac ggt gtg acg acg agc gag cag acg agg tac ctg gcg 10317

Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala

145 150 155 160

agc gtg atc gag gcg tac ggc aag gag ggc tgc gcc gac gtg aca acc 10365

Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr

165 170 175

cgc cag aac tgg cag atc cgc ggc gtc acg ctc ccc gac gtg ccg gcc 10413

Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala

19/68

180	185	190	
atc ctc gac ggg ctc aac gcc gtc ggc ctc acc agc ctc cag agc ggc			10461
Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly			
195	200	205	
atg gac aac gtc cgc aac ccc gtc ggc aac ccg ctc gcc ggc atc gac			10509
Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp			
210	215	220	
ccc gac gag atc gtc gac acg cga tcc tac acc aac ctc ctc tcc tcc			10557
Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser			
225	230	235	240
tac atc acc agc aac ttc cag ggc aac ccc acc atc acc aac ct			10601
Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu			
245	250		
gtgagtgatc gaatcaactt gatcatgctc tgtgctgtgc tgttcgtgac gtctctgacg			10661
acatgtttgt tgaatttggt gttgctgcgt gctgttggca g g ccg agg aag tgg			10715
Pro Arg Lys Trp			
aac gtg tgc gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac gag cac ccg cac atc			10763
Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His Pro His Ile			

20 / 68

260	265	270	275	
aac gac ctc gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc ggc aag ttc ggg ttc				10811
Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys Phe Gly Phe				
	280	285	290	
aac ctc ctt gtc ggc ggg ttc atc agc ccc aag agg tgg gag gag gcg				10859
Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp Glu Glu Ala				
	295	300	305	
ctg ccg ctg gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac atc atc ccg gtg tgc				10907
Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile Pro Val Cys				
	310	315	320	
aag gcc gtt ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc acc agg ggc aac cgc				10955
Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg Gly Asn Arg				
	325	330	335	
cag aag acc cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa ctt gtgagcctcc				11001
Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu				
340	345	350		
attcatccac gccattgact gaattacgta tgtcccaatg ttcttatcag ttaattgcgg				11061
tggttgccatt gcag gga atg gag gct ttt cgg tcg gag gtg gag aag agg				11111
Gly Met Glu Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg				



21 / 68

355

360

atg ccg aac ggc gtg ctg gag cgc gct gcg ccg gac gac ctc atc gac 11159

Met Pro Asn Gly Val Leu Glu Arg Ala Ala Pro Asp Asp Leu Ile Asp

365

370

375

aag aaa tgg cag agg agg gac tac ctc ggc gtg cac ccg cag aag cag 11207

Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln

380

385

390

395

gaa ggg atg tcc tac gtc ggc ctg cac gtg ccc gtc ggc cgg gtg cag 11255

Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln

400

405

410

gcg gcg gac atg ttc gag ctc gcc cgc ctt gcc gac gag tat ggc tcc 11303

Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser

415

420

425

ggc gag ctc cgc ctc acc gtg gag cag aac atc gtg atc ccg aac gtc 11351

Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val

430

435

440

aag aac gag aag gtg gag gcg ctg ctc gcc gag ccg ctg ctt cag aag 11399

Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala Leu Leu Ala Glu Pro Leu Leu Gln Lys

445

450

455

22 / 68

ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg ctg ctc aag ggc ctg gtc gcg tgc acc 11447  
 Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr  
 460 465 470 475

ggc aac cag ttc tgc ggc cag gcc atc atc gag acg aag cag cgg gcg 11495  
 Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala  
 480 485 490

ctg ctg gtg acg tcg cag gtg gag aag ctc gtg tcg gtg ccc cgg gcg 11543  
 Leu Leu Val Thr Ser Gln Val Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala  
 495 500 505

gtg cgg atg cac tgg acc ggc tgc ccc aac agc tgc ggc cag gtg cag 11591  
 Val Arg Met His Trp Thr Gly Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln  
 510 515 520

gtc gcc gac atc ggc ttc atg ggc tgc ctc acc aag gat agc gcc ggc 11639  
 Val Ala Asp Ile Gly Phe Met Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly  
 525 530 535

aag atc gtc gag gcg gcc gac atc ttc gtc ggc ggc cgc gtc ggc agc 11687  
 Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser  
 540 545 550 555

gac tcg cac ctc gcc ggc gcg tac aag aag tcc gtg ccg tgc gac gag 11735  
 Asp Ser His Leu Ala Gly Ala Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu

2 3 / 6 8

560	565	570	
ctg gcg ccg atc gtc gcc gac atc ctg gtc gag cgg ttc ggg gcc gtg			11783
Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val			
575	580	585	
cgg agg gag agg gag gag gac gag gag tag gagcacagac tgggggtggtt			11833
Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp Glu Glu			
590	595		
tgcttgctcc ggtgatctct cgccgtcctt gtaaagtaga cgacaatatg ccttcgccca			11893
tggcacgctt gtactgtcac gttttggttt gatctttag cccaaaagtt gtgttcattc			11953
tcgttacagt cttacagagg atgattgatt gataaataaa naagaaacag attctgcaac			12013
tgttcatcgc tgttcctaaa tctgatttcg cgatagtatc ttgtctgacc tgtcccaatc			12073
gcagtgctaa aaccatataa tcttgcaagc aaatgaaatt gaaagagttc aatgcaacca			12133
ctaacggtct aacaacatga taaggcct			12161

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 2519

&lt;212&gt; DNA

2 4 / 6 8

<213> *Oryza sativa*

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (532).. (2322)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 2

tatctccttc tctctcgtcg ctttctgcgt ctccccgtct ctcccttcgcc aacagccgag 60

aagaggcaga gagagcgccg cccccgtcc ctctctctcc ctctcgtcct cgcccccatc 120

cctctcgtct ttcccttgcc ggcagcagag gaggcggcag cgacggcttc agctgctccc 180

acgggcccga tcgggcagtg gcggtggcgt cggcggcttc cgctggcgaa tccggcgggt 240

gaatcgggtg aaatttggtg gacccccgat acaaatcagt gttccgatag gtaataacct 300

gctctcagca tctgcccttt tgaattcgcc aagagccagc atctgccctt ttgaattcgc 360

caagggccag catctgccc tttgattttg aattcgccaa gagccagcaa cagcgccccc 420

gcgccccctc cctcctccgc aataaacagc cacacgcgcc gccccatgt ccaccctcat 480

cgccacagcg caccaccacc accaccacca ccaccaccac cgtctccagc c atg gcc 537

Met Ala

2 5 / 6 8

1

tcc tcc gcc tcc ctg cag cgc ttc ctc ccc ccg tac ccc cac gcg gca 585  
 Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His Ala Ala

5

10

15

gca tcc cgc tgc cgc cct ccc gcc gtc cgc gcc cgc ccc gtg cag tcg 633  
 Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val Gln Ser

20

25

30

tcg acg gtg tcc gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg gcg gac gag gcc 681  
 Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp Glu Ala  
 35 40 45 50

gtg tcg gcg gag cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag cgg gag ggc cgg 729  
 Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu Gly Arg  
 55 60 65

tac tgg gtg ctc aag gag aag tac cgg acg ggg ctg aac ccg cag gag 777  
 Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro Gln Glu  
 70 75 80

aag gtg aag ctg ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc atg gag ggc ggc 825  
 Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu Gly Gly  
 85 90 95

26 / 68

atc aag gag ctc gcc aag atg ccc atg gag gag atc gag gcc gac aag	873
Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala Asp Lys	
100 105 110	
ctc tcc aag gag gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg ctc ggc ctc ttc	921
Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly Leu Phe	
115 120 125 130	
cac cgc cgc aag cat cag tat ggg cgg ttc atg atg cgg ctg aag ctg	969
His Arg Arg Lys His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu Lys Leu	
135 140 145	
coa aac ggt gtg acg acg agc gag cag acg agg tac ctg gcg agc gtg	1017
Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala Ser Val	
150 155 160	
atc gag gcg tac ggc aag gag ggc tgc gcc gac gtg aca acc cgc cag	1065
Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr Arg Gln	
165 170 175	
aac tgg cag atc cgc ggc gtc acg ctc ccc gac gtg ccg gcc atc ctc	1113
Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala Ile Leu	
180 185 190	
gac ggg ctc aac gcc gtc ggc ctc acc agc ctc cag agc ggc atg gac	1161
Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly Met Asp	

27/68

195	200	205	210	
aac gtc cgc aac ccc gtc ggc aac ccg ctc gcc ggc atc gac ccc gac				1209
Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp Pro Asp				
	215	220	225	
gag atc gtc gac acg cga tcc tac acc aac ctc ctc tcc tcc tac atc				1257
Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser Tyr Ile				
	230	235	240	
acc agc aac ttc cag ggc aac ccc acc atc acc aac ctg ccg agg aag				1305
Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro Arg Lys				
	245	250	255	
tgg aac gtg tgc gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac gag cac ccg cac				1353
Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His Pro His				
	260	265	270	
atc aac gac ctc gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc ggc aag ttc ggg				1401
Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys Phe Gly				
275	280	285	290	
ttc aac ctc ctt gtc ggc ggg ttc atc agc ccc aag agg tgg gag gag				1449
Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp Glu Glu				
	295	300	305	

28 / 68

gcg ctg ccg ctg gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac atc atc ccg gtg 1497  
 Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile Pro Val  
 310 315 320

tgc aag gcc gtt ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc acc agg ggc aac 1545  
 Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg Gly Asn  
 325 330 335

cgc cag aag acc cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa ctt gga atg gag 1593  
 Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly Met Glu  
 340 345 350

gct ttt cgg tcg gag gtg gag aag agg atg ccg aac ggc gtg ctg gag 1641  
 Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val Leu Glu  
 355 360 365 370

cgc gct gcg ccg gac gac ctc atc gac aag aaa tgg cag agg agg gac 1689  
 Arg Ala Ala Pro Asp Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp  
 375 380 385

tac ctc ggc gtg cac ccg cag aag cag gaa ggg atg tcc tac gtc ggc 1737  
 Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly  
 390 395 400

ctg cac gtg ccc gtc ggc cgg gtg cag gcg gcg gac atg ttc gag ctc 1785  
 Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu



29/68

405	410	415	
gcc cgc ctt gcc gac gag tat ggc tcc ggc gag ctc cgc ctc acc gtg			1833
Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val			
420	425	430	
gag cag aac atc gtg atc ccg aac gtc aag aac gag aag gtg gag gcg			1881
Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala			
435	440	445	450
ctg ctc gcc gag ccg ctg ctt cag aag ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg			1929
Leu Leu Ala Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu			
455	460	465	
ctg ctc aag ggc ctg gtc gcg tgc acc ggc aac cag ttc tgc ggc cag			1977
Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln			
470	475	480	
gcc atc atc gag acg aag cag cgg gcg ctg ctg gtg acg tcg cag gtg			2025
Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser Gln Val			
485	490	495	
gag aag ctc gtg tcg gtg ccc cgg gcg gtg cgg atg cac tgg acc ggc			2073
Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp Thr Gly			
500	505	510	

30 / 68

tgc ccc aac agc tgc ggc cag gtg cag gtc gcc gac atc ggc ttc atg 2121  
 Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly Phe Met  
 515 520 525 530

ggc tgc ctc acc aag gac agc gcc ggc aag atc gtc gag gcg gcc gac 2169  
 Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp  
 535 540 545

atc ttc gtc ggc ggc cgc gtc ggc agc gac tcg cac ctc gcc ggc gcg 2217  
 Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala Gly Ala  
 550 555 560

tac aag aag tcc gtg ccg tgc gac gag ctg gcg ccg atc gtc gcc gac 2265  
 Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp  
 565 570 575

atc ctg gtc gag cgg ttc ggg gcc gtg cgg agg gag agg gag gag gac 2313  
 Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp  
 580 585 590

gag gag tag gagcacagac tggggtgggt tgcttgctcc ggtgatctct 2362  
 Glu Glu  
 595

cgccgtcctt gtaaagtaga cgacaatatg ccttcgccca tggcacgctt gtactgtcac 2422

31/68

gttttggttt gatctttag cccaaaagtt gtgttcattc tcgttacagt cttacagagg 2482

atgattgatt gataaataaa gaagaaacag attctgc 2519

&lt;210&gt; 3

&lt;211&gt; 596

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Oryza sativa

&lt;400&gt; 3

Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His

1 - 5 10 15

Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val

20 25 30

Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp

35 40 45

Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu

50 55 60

Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro

65 70 75 80

3 2 / 6 8

Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu  
85 90 95

Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala  
100 105 110

Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly  
115 120 125

Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu  
130 135 140

Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala  
145 150 155 160

Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr  
165 170 175

Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala  
180 185 190

Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly  
195 200 205

Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp  
210 215 220

33/68

Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser  
225 230 235 240

Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro  
245 250 255

Arg Lys Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His  
260 265 270

Pro His Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys  
275 280 285

Phe Gly Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp  
290 295 300

Glu Glu Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile  
305 310 315 320

Pro Val Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg  
325 330 335

Gly Asn Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly  
340 345 350

Met Glu Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val

3 4 / 6 8

355

360

365

Leu Glu Arg Ala Ala Pro Asp Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg

370

375

380

Arg Asp Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr

385

390

395

400

Val Gly Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe

405

410

415

Glu Leu Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu

420

425

430

Thr Val Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val

435

440

445

Glu Ala Leu Leu Ala Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro

450

455

460

Ser Leu Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys

465

470

475

480

Gly Gln Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser

485

490

495

3 5 / 6 8

Gln Val Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp

500

505

510

Thr Gly Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly

515

520

525

Phe Met Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala

530

535

540

Ala Asp Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala

545

550

555

560

Gly Ala Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val

565

570

575

Ala Asp Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu

580

585

590

Glu Asp Glu Glu

595

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 12179

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Oryza sativa

36 / 68

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; exon

&lt;222&gt; (6001)..(6409)

&lt;223&gt;

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; exon

&lt;222&gt; (10255)..(10609)

&lt;223&gt;

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; exon

&lt;222&gt; (10712)..(11000)

&lt;223&gt;

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; exon

&lt;222&gt; (11094)..(11831)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 4

ctcgagcttt ttgactgcc ctaatcaggc gggttccttg tgggaccac ataatgcttt 60

ttttaatcgc cttcacgggc tgcattgcaaa ctatacggcg tgggtacttcc actactagaa 120



37 / 68

aaaacgggct tttcgcaggc gggcaaacct tccgcatgta tattaacgac cgtaaaaatc 180

tccaattttc acaggtggac cccagcacccg cctgcgaaaa taattttcgc aggctgcatt 240

tcgaatcttc ctgggtgcta cagtaaacca cctgcgaaaa tactcacggc gccaaaaaaa 300

aaatttcgc cagccccgcc cctccctat tcaaatcaca aattctcaca aatctcatcc 360

aaaaacaaaa ttcaatccaa aaatccatac atcaacacaa agcattggat tcaaatccac 420

aacatcaatt tacaagttaa catcaatcaa catgtaagct ttaaaacgaa acgtcgtcgt 480

cgccggcaaa ctcttttgc atgcggtgcc gccgccgcc cctcccccc tctgtccgga 540

tttgggaggg agggaggtgt ttgccgccac caccgccctc cctctcctc gtagggccgg 600

atctcgggag ggaggagagg ggagccgcct ccgcacagcc atcaacgtcc gtgccgccgt 660

cgctcgttc gcaccaccgc cgttgcttcc cctcctccgg ccagatctag gagcggggag 720

gaagagaggg ggagccaccg ccaccgtgc cccctcgcgt ccgcgccgtc gtcaccgtcc 780

acgccgccgc gtccgtgccg ccgctgtcgc tccccctcct ctggcgagga gggagagaga 840

gggagccgtc gcgccgccgt cgctccccctc cttcggcgag gagggagaga gggggaggga 900

38 / 68

agagggatgg aggggaggag agtggcgctg agagagagag agagagacgc tgaggagagg 960

aaatgagtgg tggggagggg tggaggagaa gataaggagg acttagattt tttttttggg 1020

taagtatgat ttttgcaggc ggaccacata aggttccgcc tgcgaaaatc aatttttttcg 1080

cgcagaccac ttaagaggtc cgcattgcga aataaaggta tttttttagg cggacctctt 1140

aagtgggtccg cctggaaaaa ttgatttttcg caagcggatg acgaaaattc accccgggtt 1200

atattttcga agatgcttca tcgacgacat cgactgcgtc ctctatgaca gcaacgaccg 1260

cgtcaccgac gacggcatcg atcacgtcat ctacgatgac aatgactgca tcaactccgc 1320

atcactattg tgatgactgt tacacggcgt agaagaacca accaaagtgg tggcttcac 1380

gccaacgacg tcctctaaca tatgcaagac gtccccaatg gcatcctctg acatctacaa 1440

ggtgcaagat gctaacaatt acagtttttg tcttcacact gtggcataaa tatttttttt 1500

caccttcggc tatatgcggc tacacctaca accacgggta ctacatgac ggctccatca 1560

acgaacatct ataacaacaa tcattgatgg aaactctagt caaagcgtct gtgtcatcgc 1620

tatcatccat gacactcccg ctatgactac gtgagggaat agataagagt caagggacga 1680

39 / 68

cacggaagga gacgtaggca ccaggtggag gaccatccat caaagatgca attgatgatg 1740

gtgagttgaa gaagatgaag aaataaaata tttcaaatcc agtcgcaatc attcgcttcg 1800

ctcccgttac gactgagggg gaatgttaga agcatagata tattaattgg agataagagt 1860

catacaaata tagagataag atatcatcct agagatagaa tcctagagat aaaatatagt 1920

cctagagata aatctactct tacttgtacc cctatatata ccccatgaga ggatcaatgc 1980

aatacaccga gaatacaaca attagatfff tctacgggtg taactataat acgctgtaat 2040

atgctggatc ggggaagagc gcccgtaatc agtgcgccag agatgtaggt ctcggttgaa 2100

ctccattatc aaataccgta cctcggtgtc gtcacatgt ttgaatcttc tatgacgttt 2160

cttttgcatc cggttttcga tgtgacttcg gggctggttt tataacaatg attatagtgc 2220

tgttgacggc aatcggttgt gagaattagc tttcgggtc cctccatgtg attttcttgt 2280

gattgggatg tatggtaatg ctagggtttt aaggtgtagg attggtgcat gagagatcat 2340

cacttcactt gtatgacctt ctctcctttt atatfttttt atcattctct cttttttttt 2400

ataatgctac tgaactagtg gaatacaggg gactaatgca aaataaaaga aaagtatcac 2460

40 / 68

tggtcacggc atataattta gaaagtgtgt gatttaggca tagggctgac catgaccctt 2520

tacgacttgg tcgctcggtt tgttagacga tagatcaacc aacaaaagct acgatacatg 2580

atgtacgtgt caggatacaa atccttaca atacaacag ttattgttcg ataactatca 2640

gttgtctagg ctaccaatg tataatagaa gatgaaaatt ccatattact ggtatcgttc 2700

aatgctagta actctttgag ctttgtctag gttaaaaaaa aaattatgga tccaccatca 2760

caaaaatgaa aaacaccggg gaaaacaaaa aaccatttga tagcagcaca agacaaaatg 2820

atgttaccgt ctacccgagc tectactccg taccagcaca accaaacgaa cagtaccgcg 2880

cggaccaggg gcacgttcgt aaatttcctt cccgtggctg gctggctgcc atctctctca 2940

accagggttg gtaatttcgg ccgtttcggg gggccccgat agtaaagtag ctccgggtcaa 3000

aacgccctcc gcctccctc attgcgcgcg acgcacaccg catctagatc cagatcgaaa 3060

aaatcgctat ctgcccaggt cgccagtcac cgctcgacg ccggtcgccg taccgccggc 3120

gctgcacgcc cccctccaag ccgtcgcccc atcgccccca gccgccaggt ggtggggcgg 3180

cggtatccga gcttggcgag gttgccgagg acgaaccagg cgaggaggac gaggatcttg 3240

41 / 68

tcgacgagcc agagcgggag ccacgccatg agcaacacgg cgagctcgaa cgtggacttg 3300

ccgagcacct cgccagggag gacgtggacg gcgtcgcgca ccaccatcgc cgggagggcg 3360

ctgtggtcgc acaggtcgag cgacaccacc atgccggagt tgccgcaccc gacgacgagc 3420

accttcttgc cgcggtacgc ctgccggac ttgtagaccg cgacatgcat cacctcgctg 3480

ctatatattgt tcttggactg tggagacttg ctgtcagtgg gtgtgttcag aattgctgct 3540

gcagcttgca gcgaatttgt gatgcagcag ctgcagcttg tatggctgcc gagtagagcg 3600

agtgttgcta tctgtttttg ttctcttttt cagaaatttc gcccgcaaatt tttaaatttg 3660

aattcaaatt tttaaaagaa ctagaaaata tgcccgtgcg ttgcaccggg tgaatatcaa 3720

acaaatattg atgggtaaga ttgcttgtgt acttataaca catatgcaca aaaatattga 3780

atatgtacat acctcgcaaa tatctccaaa tttatacat atgagttgtg taaatcatgt 3840

gagttccata ttgtcatgtt aatatggagt attactgatg agcccatcta tggtgataat 3900

tttggagggt gtagctcaac gaatttgtat ttgctatgta tctcaacgtt gataagtcac 3960

tactacaacc atcggcgacc tttctcggga tccaagcatg tcgacccgc caacgtggcg 4020

4 2 / 6 8

tcggtgcagg gcaccgagat gaacaccacg gggctatttg cctgtccagg gtcacccatg 4080

gcttaaggcc acgacactca aggacgtggt aggcggcgctc acagagggtgc tcccagcgaa 4140

caagctggcc accaaggagg acgccgacaa ggtggcggcc accgctatgc agaaacgatg 4200

ggaggcatgc cggtagacgac aaggagctaa cacgatccat ttagtcccga tccgagttaa 4260

tcaggaattc aatcctgcac cgtgcgggta cgtttttctt ttccgcgga aaagcaatca 4320

ccgatggtag ggacaaagtg cgtgtgagaa cagaggccag gccaaagtgc gtgcgagaac 4380

ggaggctagg ccatcgctgg attggattta cgaatgaaat atcgatgtga cgaacagaaa 4440

attatcagtt tgatttaatt ttcataatca gaactcttta ataggaaaaa aattacatgt 4500

acgttccttc atcgtgccca tgtccatctg ggagtccagg tttattcaca aagacccaat 4560

caacagccag gaatccatgt ccttccccgc cgttccttac tctgcttttt tttctttcat 4620

ttgaaacctt ccgctatgaa tttctagtcg ttcctagcat ccacgcacac aaaatagatt 4680

tccctcgcaa ggcaaaacat acaaatatga gtgcatgcaa gatattacaa acccaatcca 4740

ttaaaaatag aaaataatta actttagcct acctatctca atattggtat atgccccaaac 4800

4 3 / 6 8

tcaaaaggag aaaaaccaa ctaaaacttt taataaagtg aaccaagag ataaaaaggt 4860

gatagtaaca aaaaatctc acttgacaat gtcgttaatc aacactgttt tttaatatta 4920

cttaaaaatc tttatattta cctattaaaa caatgaaaaa cagaagatgt ttctttttta 4980

tttacaacag cgttgatatt agtcatgtcc tatctaagag agaaaaatga atttaacgaa 5040

aagaagctca gaaaaaaaaa gagaacaggg ccaccacacc agtaatccct atgttatcaa 5100

tgaaaaaaaaa tttcaatgct aggtttttta taagaaaagg tgataaagtg ttgaaaaaat 5160

acagcaggaa atttatatc ttgctggttt aacatgaatt caagcatata gatataaaaa 5220

tatatcaggc taggaaagga aaaggataaa attggagaga aaaaggaaaa gaacagtaga 5280

ggataaccag caaaaagatg aaaggattcg aacccatgac ctagcggtag aattgtttca 5340

caggctaacc aattgagaat catcgacgtt gtgtcatctt gtgtagctac atttgaaaaa 5400

atatgttttg agctgaacgt tgggtgtgtcc gcccctgcat ccgatacatg ttggagcgtg 5460

gagcgcggtg aagaaaaaat cctatcgaac cttatctcct tctctctcgt cgctttctgc 5520

gtctccccgt ctctccttcg ccaacagccg agaagaggca gagagagcgc cgccccccgt 5580

44/68

ccctctctct ccctctcgtc ctgccccca tccctctcgt ctttcccttg ccggcagcág 5640  
 aggaggcggc agcgacggct tcagctgctc ccacgggccc gatcgggcag tggcgggtggc 5700  
 gtcggcggct tccgctggcg aatccggcgg gtggatacaa atcagtgttc cgataggtaa 5760  
 aaccctgctc tcagcatctg cccttttgaa ttgcgaaga gccagcatct gcccttttga 5820  
 attcgccaag ggccagcatc tgcccatttg attttgaatt cgccaagagc cagcaacagc 5880  
 gccccgcgc cccctccctc ctccgcaata aacagccaca cgcgccgccc ccatgtccac 5940  
 cctcatcgcc acagcgcacc accaccacca ccaccaccac caccaccacc gtctccagcc 6000  
 atg gcc tcc tcc gcc tcc ctg cag cgc ttc ctc ccc ccg tac ccc cac 6048  
 Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His  
 1 5 10 15  
 gcg gca gca tcc cgc tgc cgc cct ccc ggc gtc cgc gcc cgc ccc gtg 6096  
 Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val  
 20 25 30  
 cag tcg tcg acg gtg tcc gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg gcg gac 6144  
 Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp  
 35 40 45



4 5 / 6 8

gag gcc gtg tgc gcg gag cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag cgg gag 6192  
 Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu  
 50 55 60

ggc cgg tac tgg gtg ctc aag gag aag tac cgg acg ggg ctg aac ccg 6240  
 Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro  
 65 70 75 80

cag gag aag gtg aag ctg ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc atg gag 6288  
 Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu  
 85 90 95

ggc ggc atc aag gag ctc gcc aag atg ccc atg gag gag atc gag gcc 6336  
 Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala  
 100 105 110

gac aag ctc tcc aag gag gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg ctc ggc 6384  
 Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly  
 115 120 125

ctc ttc cac cgc cgc aag cat cag t gtatgcctct cttctcttgc 6429  
 Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln  
 130 135

tcctctgac aacacatttt cttgctttcg ttcggttatt tgtcgcgccg aggaagttaa 6489

46 / 68

ttcgccaaga tattctgcag ttttttttct cgatgcacat tcagcaacct aattaagact 6549

gattaagttg ctgtgatttt tatagcttaa ttacgggtctc gtgggtaatg actatttata 6609

ttgagtaaac atgggttacct ttgatccaat cacttcacct ccatgtgcca tatatagcca 6669

caggctctac caagtaacac tagtaatatg cctgtgatac gccacgggtg cataataaat 6729

cattaaattt tattataatc aaattaagga tcctaaaatt ggtccaattg ggtgttaatt 6789

cgatgcaggt catataaaaa tatatttttag gcaagggtgca attcaagagc atcaaccatt 6849

atatccaatc actttaatat atatttgaag ataacatatg tcggaaaaaa aatgatggag 6909

agctatttca ttaacttgtg agcataaaca gatcaccaga tgatgccacc ataagtcccg 6969

ccacagtaag tgatgcagct catcttgccc taggcgttcg gtctaaccag tagatagaaa 7029

gagtacaaca tagatcgaat gaaaaaaaaa atctccagaa gaaagctcaa ccacattgag 7089

taaattagag caacaatcaa atcgagtcag catatcgtta tgtttagcaga accaatcacc 7149

acaatttggt tctcctcttt atctaagtgt ttgcccaggt taaaagcata tatcactatg 7209

ttccaagcaa acatcggaac tggacatgtc aaaaataaat gatcaattgt ttctttgagt 7269

47 / 68

acaaaattga caatggacac tatgttcctt tgttagaatt ctatttgtca gggtaggatg 7329

tagaaaaact taacttttag aggaagctta aatatccggc ataaacttgc tttttcagcg 7389

ctctataaaa taattcaaca gtgaattgtc catcttttct aagtgtcca aaagacacta 7449

agttgaaaaa ccaggtgaac caacagattg atccacaaaa tcttattatt agattattca 7509

cttaaaagcc tgtctttatt tcaaacatat aaaaacagaa gttattaatc agggaagcgc 7569

ttatggcagc ctgagcgaac cagtgatagc aagtggtgaa aacagtaa at aggatacata 7629

aaaattatac aaggtttcta ctgtttatca aaaaaaata ttgaaaaca gtaa at tagga 7689

tacataatcg acttccaact tgtccttate ataacatcca gaatcacaac aagaattgca 7749

acgaatacat agtcgacttg agctaagaag tcacaagacc tgtcaaagta agctgccctt 7809

gatcttgaag tgaaaggcat attttattgt cttccttggc aaacagatat cactgtcttc 7869

agcagttcag ttagataatc caagatttct cacggagaag agcatatcac tcgcatcagt 7929

gttgtgccct ccaaatactg agataaactg aattttgttc tctttgaagc atctgcaggc 7989

attaacaatt ataatacttt acaaagtttc attgggtcta aactattgtt tgcacatcat 8049

48 / 68

atatatgccc agaacttttt agcatgatac aagggtcctg ttcataactc atgcctaaat 8109

ctgacaaatt tgtcaaacga caatataagt cgaattataa tgcgttttag aattgacgcc 8169

aaaacttttg ctagcgtaag taactcttcc acctcccagc atgcatacaa ccaacaagct 8229

aaacttttgt tcaaaaaaat gtacatttat ttccttgaac acagcctttg tagaatatga 8289

ttaaaaactc atggatgaat gaaataatgt aaaagaatgg tcaaatgat gaatagtaca 8349

agaagcaact gtgaacattt cacctttacc tgactgttcg caagaaggcc acgtggcaga 8409

aaagccagaa atgcaagaag cttccctaatt tgatacacca tcaagaaatc aatggactca 8469

acaccagcgt ctgcccagac aaaatgaatg caggcaccta aaatatagaa ccattgactt 8529

ttcaacactg aattatataa cctgaatatc ttgttttttt aacacatctg acaaaatcag 8589

tgcatctgt tccatataga tgtatgcata gctcccatat gttagttgat cgatgagcat 8649

gcaaaactata cacaccttac gttactccct ctgtcaaaaa aaatataagc ttgtctagat 8709

acatagctac aaatgcttat atttttggat tctcttaaag ctgtagaaac ttttatcgcc 8769

ccgccatggc aagtcgagat gccatcccca atgaaagccc ccacacaggt ttcatgccct 8829

49 / 68

gctgcacaat attgagcaac caaaaatata ataatatattg tgtcagaatt tgaatcaac 8889  
ttacagatac tgggtggcca gaaaatctag tccaagtaat atcctgaaa atagcaactg 8949  
gcaaatacta aaggcagtga agagtttcct ttagatcaga tgataaaaaa aaatcatatg 9009  
ttcaatagca ataatcactc acattttttt tgctgttttag aatttagata attagtagtt 9069  
aaacttctat agcttgcgta gctaagatca atgggtgatta ttagttgaaa aaataatcaa 9129  
atcatcaaac tgaggagact tatacctgcc ataagttctg aaatttcaat gatcctagtc 9189  
aatatttact gtatatatag aattaggtcc aaaagatgat acttacaatt aaggatgttg 9249  
tattgatcgg ttcataactc aagcttctat ttatcattaa tcaaaagctg gatcattcat 9309  
gcatatacct ttgccgcact caacgtagca gctcggagtc ttctttgttc agaagcgagg 9369  
aaggagtcaa caaataagta ctgcaatgtt aaacaaaccg acatatcaaa tcccaaatta 9429  
agaatgcatg atttattaat acaggaaata tatgatcaag tcccaaaaag tgagtcatgt 9489  
tatgtacact cagtcatcaa tttcaataag aatattaact tgctcattgg tatatggatt 9549  
tgattatgac ataatttgac aatacattta cagaataaac ttgcagtgct gtgagcatat 9609

50 / 68

gttactaaca tgtaaggacc ttgttttgct ctgttcaata ctcatgttga tcttgatctg 9669  
 tgtccacata tacctaaatg aaatgaaatc aaagaatgag gtttgtagga gtggagttgg 9729  
 tgaattatag ggtagataat gtcggcacia cogtttgata agtagtacga gtactttatt 9789  
 tggcgccacc gcgccagcat cagatgtgtg gcctttgcac tgattgaatc caaaagaaaa 9849  
 aaaaagtcgt tttgggtcca cacaattcta cttcatctgc aggatgtaca gaaggttaca 9909  
 tatctattct gttctatgct ctgtttacat ttatatattat agtactaggt tgaaagggct 9969  
 cacttggtgg ctgtcattgg ttggctgggt cggtatatta ctaatagggt ttttaatggc 10029  
 atatatgttc ttaaaataaa ccagaaaagc aaaagatcaa ctatcttagc cacaccaatg 10089  
 aaatggaata tactgaactg tcacggctaa aattctcttc agtcacctgg cccaactgga 10149  
 gccgtgggct cgtcgtcttt tctaaacatg tactagtatt ttggggggccc acagtgaatt 10209  
 tggcccaaaa tgctgacagc cgctctacgg ctctacgtg tgcag at ggg cgg ttc 10265  
 Tyr Gly Arg Phe  
 140  
 atg atg cgg ctg aag ctg cca aac ggt gtg acg acg agc gag cag acg 10313  
 Met Met Arg Leu Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr

51 / 68

145	150	155	
agg tac ctg gcg agc gtg atc gag gcg tac ggc aag gag ggc tgc gcc			10361
Arg Tyr Leu Ala Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala			
160	165	170	
gac gtg aca acc cgc cag aac tgg cag atc cgc ggc gtc acg ctc ccc			10409
Asp Val Thr Thr Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro			
175	180	185	
gac gtg ccg gcc atc ctc gac ggg ctc aac gcc gtc ggc ctc acc agc			10457
Asp Val Pro Ala Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser			
- 190	195	200	
ctc cag agc ggc atg gac aac gtc cgc aac ccc gtc ggc aac ccg ctc			10505
Leu Gln Ser Gly Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu			
205	210	215	220
gcc ggc atc gac ccc gac gag atc gtc gac acg cga tcc tac acc aac			10553
Ala Gly Ile Asp Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn			
225	230	235	
ctc ctc tcc tcc tac atc acc agc aac ttc cag ggc aac ccc acc atc			10601
Leu Leu Ser Ser Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile			
240	245	250	

5 2 / 6 8

acc aac ct gtgagtgatc gaatcaaatt gatcatgctc tgtgctgtgc 10649

Thr Asn Leu

tgtttcgtgt cgtctctgac gacatgtttg ttgaatttgt tgttgctgcg tgctgttggc 10709

ag g ccg agg aag tgg aac gtg tgc gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac 10757

Pro Arg Lys Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr

260

265

270

gag cac cca cac atc aac gac ctc gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc 10805

Glu His Pro His Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly

275

280

285

ggc aag ttc ggg ttc aac ctc ctc gtc ggc ggg ttc ata agc ccc aag 10853

Gly Lys Phe Gly Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys

290

295

300

agg tgg gag gag gcg ctg ccg ctc gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac 10901

Arg Trp Glu Glu Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp

305

310

315

atc atc ccg gtg tgc aag gcc gtt ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc 10949

Ile Ile Pro Val Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly

320

325

330



5 3 / 6 8

acc agg ggc aac cgc cag aag acc cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa 10997

Thr Arg Gly Asn Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu

335

340

345

350

ctt gtgaaccatt tttttctcca ttcattccacg ccattgactg aattacgtat 11050

Leu

gtcccaatgt tcttatcagt taattgcggt gttggcattg cag gga atg gag gct 11105

Gly Met Glu Ala

355

ttt cgg tcg gag gtg gag aag agg atg ccg aac ggc gtg ctg gag cgc 11153

Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val Leu Glu Arg

360

365

370

gcg gcg ccg gag gac ctc atc gac aag aaa tgg cag agg agg gac tac 11201

Ala Ala Pro Glu Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp Tyr

375

380

385

ctc ggc gtg cac ccg cag aag cag gaa ggg atg tcc tac gtc ggc ctg 11249

Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly Leu

390

395

400

cac gtg ccc gtc ggc cgg gtg cag gcg gcg gac atg ttc gag ctc gca 11297

His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu Ala

5 4 / 6 8

405	410	415	
cgc ctc gcc gac gag tac ggc tcc ggc gag ctc cgc ctc acc gtg gag			11345
Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val Glu			
420	425	430	435
cag aac atc gtg atc ccg aac gtc aag aac gag aag gtg gag gcg ctg			11393
Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala Leu			
	440	445	450
ctc tcc gag ccg ctg ctt cag aag ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg ctg			11441
Leu Ser Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu Leu			
	455	460	465
ctc aag ggc ctc gtc gcg tgc acc ggc aac cag ttc tgc ggc cag gcc			11489
Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln Ala			
	470	475	480
atc atc gag acg aag cag cgg gcg ctg ctg gtg acg tcg cag gtg gag			11537
Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser Gln Val Glu			
	485	490	495
aag ctc gtg tcg gtg ccc cgg gcg gtg cgg atg cac tgg acc ggc tgc			11585
Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp Thr Gly Cys			
500	505	510	515

5 5 / 6 8

ccc aac agc tgc ggc cag gtg cag gtc gcc gac atc ggc ttc atg ggc 11633  
Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly Phe Met Gly  
520 525 530

tgc ctc acc aag gac agc gcc ggc aag atc gtt gag gcg gcc gac atc 11681  
Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp Ile  
535 540 545

ttc gtc ggc ggc cgc gtc ggc agc gac tcg cac ctc gcc ggc gcg tac 11729  
Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala Gly Ala Tyr  
550 555 560

aag aag tcc gtg ccg tgc gac gag ctg gcg ccg atc gtc gcc gac atc 11777  
Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp Ile  
565 570 575

ctg gtc gag cgg ttc ggg gcc gtg cgg agg gag agg gag gag gac gag 11825  
Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp Glu  
580 585 590 595

gag tag gaacacagac tggggtgttt tgcttgctcc ggtgatctct cgccgtcctt 11881  
Glu

gtaaagtaga cgacaatatg ccttcgccca tggcacgctt gtactgtcac gttttggttt 11941

5 6 / 6 8

gatcttgtag cccaaaagtt gtgttcattc tcgttacagt cttacagagg atgattgatt 12001

gataaataaa gaagaaacag attctgcaac tgttcacgc tgttcctaaa tctgatttag 12061

cgaaagtatc ttgcctgacc tgtcccaatc gcagtgctaa aaccatataa tcttgcaagc 12121

aaatgaaatt gaaagagttc aatgcaacca ctaacagtct aacaacatga taaggcct 12179

<210> 5

<211> 2508

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> CDS

<222> (519).. (2309)

<223>

<400> 5

tatcgaacct tatctccttc tctctcgtcg ctttctgogt ctccccgtct ctccctcgcc 60

aacagccgag aagaggcaga gagagcgccg cccccgtcc ctctctctcc ctctcgtcct 120

cgcccccatc cctctcgtct ttcccttgcc ggcagcagag gaggcggcag cgacggcttc 180

5 7 / 6 8

agctgctccc acgggccgga tcgggcagtg gcggtggcgt cggcggcttc cgctggcgaa	240
tccggcgggt ggatacaaat cagtgttccg ataggtaaaa ccctgctctc agcatctgcc	300
cttttgaatt cgccaagagc cagcatctgc ctttttgaat tcgccaaggg ccagcatctg	360
cccatttgat tttgaattcg ccaagagcca gcaacagcgc ccccgcgccc cctccctcct	420
ccgcaataaa cagccacacg cgccgcccc atgtccaccc tcctcgccac agcgcaccac	480
caccaccacc accaccacca ccaccaccgt ctccagcc atg gcc tcc tcc gcc tcc	536
Met Ala Ser Ser Ala Ser	
1 5	
ctg cag cgc ttc ctc ccc ccg tac ccc cac gcg gca gca tcc cgc tgc	584
Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His Ala Ala Ala Ser Arg Cys	
10 15 20	
cgc cct ccc ggc gtc cgc gcc cgc ccc gtg cag tcg tcg acg gtg tcc	632
Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val Gln Ser Ser Thr Val Ser	
25 30 35	
gca ccg tcc tcc tcg act ccg gcg gcg gac gag gcc gtg tcg gcg gag	680
Ala Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp Glu Ala Val Ser Ala Glu	
40 45 50	

58 / 68

cgg ctg gag ccg cgg gtg gag cag cgg gag ggc cgg tac tgg gtg ctc 728  
 Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu Gly Arg Tyr Trp Val Leu  
 55 60 65 70

aag gag aag tac cgg acg ggg ctg aac ccg cag gag aag gtg aag ctg 776  
 Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro Gln Glu Lys Val Lys Leu  
 75 80 85

ggg aag gag ccc atg tca ttg ttc atg gag ggc ggc atc aag gag ctc 824  
 Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu Gly Gly Ile Lys Glu Leu  
 90 95 100

gce aag atg ccc atg gag gag atc gag gcc gac aag ctc tcc aag gag 872  
 Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala Asp Lys Leu Ser Lys Glu  
 105 110 115

gac atc gac gtg cgg ctc aag tgg ctc ggc ctc ttc cac cgc cgc aag 920  
 Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly Leu Phe His Arg Arg Lys  
 120 125 130

cat cag tat ggg cgg ttc atg atg cgg ctg aag ctg cca aac ggt gtg 968  
 His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu Lys Leu Pro Asn Gly Val  
 135 140 145 150

acg acg agc gag cag acg agg tac ctg gcg agc gtg atc gag gcg tac 1016  
 Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala Ser Val Ile Glu Ala Tyr

5 9 / 6 8

155	160	165	
ggc aag gag ggc tgc gcc gac gtg aca acc cgc cag aac tgg cag atc			1064
Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr Arg Gln Asn Trp Gln Ile			
170	175	180	
cgc ggc gtc acg ctc ccc gac gtg ccg gcc atc ctc gac ggg ctc aac			1112
Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala Ile Leu Asp Gly Leu Asn			
185	190	195	
gcc gtc ggc ctc acc agc ctc cag agc ggc atg gac aac gtc cgc aac			1160
Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly Met Asp Asn Val Arg Asn			
- 200	205	210	
ccc gtc ggc aac ccg ctc gcc ggc atc gac ccc gac gag atc gtc gac			1208
Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp Pro Asp Glu Ile Val Asp			
215	220	225	230
acg cga tcc tac acc aac ctc ctc tcc tcc tac atc acc agc aac ttc			1256
Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser Tyr Ile Thr Ser Asn Phe			
235	240	245	
cag ggc aac ccc acc atc acc aac ctg ccg agg aag tgg aac gtg tgc			1304
Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro Arg Lys Trp Asn Val Cys			
250	255	260	

60 / 68

gtg atc ggg tcg cac gat ctg tac gag cac cca cac atc aac gac ctc 1352

Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His Pro His Ile Asn Asp Leu

265

270

275

gcg tac atg ccg gcg gtg aag ggc ggc aag ttc ggg ttc aac ctc ctc 1400

Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys Phe Gly Phe Asn Leu Leu

280

285

290

gtc ggc ggg ttc ata agc ccc aag agg tgg gag gag gcg ctg ccg ctc 1448

Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp Glu Glu Ala Leu Pro Leu

295

300

305

310

gac gcc tgg gtc ccc ggc gac gac atc atc ccg gtg tgc aag gcc gtt 1496

Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile Pro Val Cys Lys Ala Val

315

320

325

ctc gag gcg tac cgc gac ctc ggc acc agg ggc aac cgc cag aag acc 1544

Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg Gly Asn Arg Gln Lys Thr

330

335

340

cgc atg atg tgg ctc atc gac gaa ctt gga atg gag gct ttt cgg tcg 1592

Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly Met Glu Ala Phe Arg Ser

345

350

355

gag gtg gag aag agg atg ccg aac ggc gtg ctg gag cgc gcg gcg ccg 1640

Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val Leu Glu Arg Ala Ala Pro



61 / 68

360	365	370	
gag gac ctc atc gac aag aaa tgg cag agg agg gac tac ctc ggc gtg			1688
Glu Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg Arg Asp Tyr Leu Gly Val			
375	380	385	390
cac ccg cag aag cag gaa ggg atg tcc tac gtc ggc ctg cac gtg ccc			1736
His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr Val Gly Leu His Val Pro			
	395	400	405
gtc ggc cgg gtg cag gcg gcg gac atg ttc gag ctc gca cgc ctc gcc			1784
Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe Glu Leu Ala Arg Leu Ala			
	410	415	420
gac gag tac ggc tcc ggc gag ctc cgc ctc acc gtg gag cag aac atc			1832
Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu Thr Val Glu Gln Asn Ile			
425	430	435	
gtg atc ccg aac gtc aag aac gag aag gtg gag gcg ctg ctc tcc gag			1880
Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val Glu Ala Leu Leu Ser Glu			
440	445	450	
ccg ctg ctt cag aag ttc tcc ccg cag ccg tcg ctg ctg ctc aag ggc			1928
Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro Ser Leu Leu Leu Lys Gly			
455	460	465	470

6 2 / 6 8

ctc gtc gcg tgc acc ggc aac cag ttc tgc ggc cag gcc atc atc gag 1976  
 Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys Gly Gln Ala Ile Ile Glu  
 475 480 485

acg aag cag cgg gcg ctg ctg gtg acg tcg cag gtg gag aag ctc gtg 2024  
 Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser Gln Val Glu Lys Leu Val  
 490 495 500

tcg gtg ccc cgg gcg gtg cgg atg cac tgg acc ggc tgc ccc aac agc 2072  
 Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp Thr Gly Cys Pro Asn Ser  
 505 510 515

tgc ggc cag gtg cag gtc gcc gac atc ggc ttc atg ggc tgc ctc acc 2120  
 Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly Phe Met Gly Cys Leu Thr  
 520 525 530

aag gac agc gcc ggc aag atc gtt gag gcg gcc gac atc ttc gtc ggc 2168  
 Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala Ala Asp Ile Phe Val Gly  
 535 540 545 550

ggc cgc gtc ggc agc gac tcg cac ctc gcc ggc gcg tac aag aag tcc 2216  
 Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala Gly Ala Tyr Lys Lys Ser  
 555 560 565

gtg ccg tgc gac gag ctg gcg ccg atc gtc gcc gac atc ctg gtc gag 2264  
 Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val Ala Asp Ile Leu Val Glu

6 3 / 6 8

570

575

580

cgg ttc ggg gcc gtg cgg agg gag agg gag gag gac gag gag tag 2309

Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu Glu Asp Glu Glu

585

590

595

gaacacagac tgggggtgttt tgcttgctcc ggtgatctct cgccgtcctt gtaaagtaga 2369

cgacaatatg ccttcgccca tggcacgctt gtactgtcac gttttggttt gatctttag 2429

cccaaaagtt gtgttcattc tcgttacagt cttacagagg atgattgatt gataaataaa 2489

gaagaaacag attctgcaa 2508

<210> 6

<211> 596

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 6

Met Ala Ser Ser Ala Ser Leu Gln Arg Phe Leu Pro Pro Tyr Pro His

1

5

10

15

Ala Ala Ala Ser Arg Cys Arg Pro Pro Gly Val Arg Ala Arg Pro Val

20

25

30

64 / 68

Gln Ser Ser Thr Val Ser Ala Pro Ser Ser Ser Thr Pro Ala Ala Asp  
35 40 45

Glu Ala Val Ser Ala Glu Arg Leu Glu Pro Arg Val Glu Gln Arg Glu  
50 55 60

Gly Arg Tyr Trp Val Leu Lys Glu Lys Tyr Arg Thr Gly Leu Asn Pro  
65 70 75 80

Gln Glu Lys Val Lys Leu Gly Lys Glu Pro Met Ser Leu Phe Met Glu  
85 90 95

Gly Gly Ile Lys Glu Leu Ala Lys Met Pro Met Glu Glu Ile Glu Ala  
100 105 110

Asp Lys Leu Ser Lys Glu Asp Ile Asp Val Arg Leu Lys Trp Leu Gly  
115 120 125

Leu Phe His Arg Arg Lys His Gln Tyr Gly Arg Phe Met Met Arg Leu  
130 135 140

Lys Leu Pro Asn Gly Val Thr Thr Ser Glu Gln Thr Arg Tyr Leu Ala  
145 150 155 160

Ser Val Ile Glu Ala Tyr Gly Lys Glu Gly Cys Ala Asp Val Thr Thr

65 / 68

165	170	175
Arg Gln Asn Trp Gln Ile Arg Gly Val Thr Leu Pro Asp Val Pro Ala		
180	185	190
Ile Leu Asp Gly Leu Asn Ala Val Gly Leu Thr Ser Leu Gln Ser Gly		
195	200	205
Met Asp Asn Val Arg Asn Pro Val Gly Asn Pro Leu Ala Gly Ile Asp		
210	215	220
Pro Asp Glu Ile Val Asp Thr Arg Ser Tyr Thr Asn Leu Leu Ser Ser		
225	230	235
240		
Tyr Ile Thr Ser Asn Phe Gln Gly Asn Pro Thr Ile Thr Asn Leu Pro		
245	250	255
Arg Lys Trp Asn Val Cys Val Ile Gly Ser His Asp Leu Tyr Glu His		
260	265	270
Pro His Ile Asn Asp Leu Ala Tyr Met Pro Ala Val Lys Gly Gly Lys		
275	280	285
Phe Gly Phe Asn Leu Leu Val Gly Gly Phe Ile Ser Pro Lys Arg Trp		
290	295	300

66 / 68

Glu Glu Ala Leu Pro Leu Asp Ala Trp Val Pro Gly Asp Asp Ile Ile

305 310 315 320

Pro Val Cys Lys Ala Val Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Leu Gly Thr Arg

325 330 335

Gly Asn Arg Gln Lys Thr Arg Met Met Trp Leu Ile Asp Glu Leu Gly

340 345 350

Met Glu Ala Phe Arg Ser Glu Val Glu Lys Arg Met Pro Asn Gly Val

355 360 365

Leu Glu Arg Ala Ala Pro Glu Asp Leu Ile Asp Lys Lys Trp Gln Arg

370 375 380

Arg Asp Tyr Leu Gly Val His Pro Gln Lys Gln Glu Gly Met Ser Tyr

385 390 395 400

Val Gly Leu His Val Pro Val Gly Arg Val Gln Ala Ala Asp Met Phe

405 410 415

Glu Leu Ala Arg Leu Ala Asp Glu Tyr Gly Ser Gly Glu Leu Arg Leu

420 425 430

Thr Val Glu Gln Asn Ile Val Ile Pro Asn Val Lys Asn Glu Lys Val

435 440 445

67 / 68

Glu Ala Leu Leu Ser Glu Pro Leu Leu Gln Lys Phe Ser Pro Gln Pro  
450 455 460

Ser Leu Leu Leu Lys Gly Leu Val Ala Cys Thr Gly Asn Gln Phe Cys  
465 470 475 480

Gly Gln Ala Ile Ile Glu Thr Lys Gln Arg Ala Leu Leu Val Thr Ser  
485 490 495

Gln Val Glu Lys Leu Val Ser Val Pro Arg Ala Val Arg Met His Trp  
500 505 510

Thr Gly Cys Pro Asn Ser Cys Gly Gln Val Gln Val Ala Asp Ile Gly  
515 520 525

Phe Met Gly Cys Leu Thr Lys Asp Ser Ala Gly Lys Ile Val Glu Ala  
530 535 540

Ala Asp Ile Phe Val Gly Gly Arg Val Gly Ser Asp Ser His Leu Ala  
545 550 555 560

Gly Ala Tyr Lys Lys Ser Val Pro Cys Asp Glu Leu Ala Pro Ile Val  
565 570 575

Ala Asp Ile Leu Val Glu Arg Phe Gly Ala Val Arg Arg Glu Arg Glu

68 / 68

580

585

590

Glu Asp Glu Glu

595



# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011307

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl<sup>7</sup> C12N15/09, A01H1/00, A01H5/00, C12N5/04

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl<sup>7</sup> C12N15/09, A01H1/00, A01H5/00, C12N5/04

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)  
MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG), JSTPlus (JOIS), GenBank/  
EMBL/DDBJ/GeneSeq. SwissProt/PIR/GeneSeq

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	TERADA, Y. et al., Cloning and nucleotide sequence of a leaf ferredoxin-nitrite reductase cDNA of rice., Biosci.Biotechnol. Biochem., (1995), Vol.59, pages 2183 to 2185	1-15
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F., Genetic Analysis of Regeneration Ability of Rice Seed Callus., Nogyo Seibutsu Shigen Kenkyusho Kenkyu Hokoku, Bulletin of the National Institute of Agrobiological Resources (1999), Vol.13, pages 97 to 134	1-22
A	Fumio SHIOBARA, "Koshihikari ni Takai Callus Keiseino Oyobi Saibunkano o Fuyo suru Tameno QTL Kaiseki", Seibutsu Shigen Kenkyu Seika Joho (1998), Vol.7, pages 45 to 46	1-22

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ See patent family annex.

### \* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance  
"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date  
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)  
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means  
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention  
"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone  
"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art  
"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search  
08 November, 2004 (08.11.04)

Date of mailing of the international search report  
30 November, 2004 (22.11.04)

Name and mailing address of the ISA/  
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011307

## C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	Fumio TAGUCHI et al., "Ine Shushi Callus no Saibunkano ni Kanyo suru QTL no Mapping", Breeding Science, (1996), Vol.46, Bessatsu 1, page 77	1-22
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F. et al., Mapping quantitative trait loci associated with regeneration of ability of seed callus in rice, Oryza sativa L., Theoretical and Applied Genetics (1997), Vol.95, No.5 to 6, pages 828 to 833	1-22
A	Kenjiro OZAWA et al., "Ine Saibunkano no Iden Kaiseki Oyobi Kosaibunkano Ikushu Sozai no Kaihatsu"	1-22
A	Toshinori ABE, "Ine no Datsubunka Saibunka no Identeiki Shihai", Heisei 5, 6 Nendo kagaku Kenkyuhi Hojokin (Sogokenkyu A), Kenkyu Seika Hokokusho, (1995), pages 32 to 38	1-22

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011307

Box No. I Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item 1.b of the first sheet)

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application and necessary to the claimed invention, the international search was carried out on the basis of:

a. type of material

☒ a sequence listing

☐ table(s) related to the sequence listing

b. format of material

☐ in written format

☒ in computer readable form

c. time of filing/furnishing

☐ contained in the international application as filed

☒ filed together with the international application in computer readable form

☐ furnished subsequently to this Authority for the purposes of search

2. ☒ In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing and/or table relating thereto has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that in the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.

3. Additional comments:

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC)) Int. Cl <sup>7</sup> C12N 15/09, A01H 1/00, A01H 5/00, C12N 5/04		
B. 調査を行った分野 調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC)) Int. Cl <sup>7</sup> C12N 15/09, A01H 1/00, A01H 5/00, C12N 5/04		
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの		
国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語) MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG), JSTPlus (JOIS), GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq		
C. 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	TERADA, Y. et al., Cloning and nucleotide sequence of a leaf ferredoxin-nitrite reductase cDNA of rice. Biosci. Biotechnol. Biochem. (1995) Vol. 59, p. 2183-2185	1-15
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F., Genetic Analysis of Regeneration Ability of Rice Seed Callus. 農業生物資源研究所研究報告 (1999) 第13巻 第97-134頁	1-22
<input checked="" type="checkbox"/> C欄の続きにも文献が列挙されている。 <input type="checkbox"/> パテントファミリーに関する別紙を参照。		
* 引用文献のカテゴリー 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの 「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの 「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す) 「O」 口頭による開示、使用、展示等に関する文献 「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願日の後に公表された文献 「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの 「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの 「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの 「&」 同一パテントファミリー文献		
国際調査を完了した日 08.11.2004	国際調査報告の発送日 30.11.2004	
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/J P) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 左海 匡子	4N 3038
電話番号 03-3581-1101 内線 3488		

C. (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	塩原文緒, コシヒカリに高いカルス形成能及び再分化能を付与するためのQTL解析 生物資源研究成果情報 (1998) 第7巻第45-46頁	1-22
A	田口文緒ほか, イネ種子カルスの再分化能に関与するQTLのマッピング 育種学雑誌 (1996) 第46巻別冊1第77頁	1-22
A	TAGUCHI-SHIOBARA, F. et al., Mapping quantitative trait loci associated with regeneration ability of seed callus in rice, <i>Oryza sativa</i> L. Theoretical and Applied Genetics (1997) Vol. 95, No. 5-6, p. 828-833	1-22
A	小沢憲次郎ほか, イネ再分化能の遺伝解析及び高再分化能育種素材の開発	1-22
A	阿部利徳, イネの脱分化・再分化の遺伝的支配 平成5, 6年度科学研究費補助金 (総合研究A) 研究成果報告書 (1995) 第32-38頁	1-22

## 第I欄 ヌクレオチド又はアミノ酸配列 (第1ページの1. bの続き)

1. この国際出願で開示されかつ請求の範囲に係る発明に必要なヌクレオチド又はアミノ酸配列に関して、以下に基づき国際調査を行った。

- a. タイプ ☒ 配列表  
☐ 配列表に関連するテーブル
- b. フォーマット ☐ 書面  
☒ コンピュータ読み取り可能な形式
- c. 提出時期 ☐ 出願時の国際出願に含まれる  
☒ この国際出願と共にコンピュータ読み取り可能な形式により提出された  
☐ 出願後に、調査のために、この国際調査機関に提出された

2. ☒ さらに、配列表又は配列表に関連するテーブルを提出した場合に、出願後に提出した配列若しくは追加して提出した配列が出願時に提出した配列と同一である旨、又は、出願時の開示を超える事項を含まない旨の陳述書の提出があった。

3. 補足意見：

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☐ FADED TEXT OR DRAWING
- ☒ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☐ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**